

内蒙古西伯利亚杏群体遗传多样性和遗传结构分析

包文泉^{1,2}, 乌云塔娜^{1,2*}, 王 淋^{1,2}, 赵 罕^{1,2}, 杜红岩^{1,2}

(1 国家林业局泡桐研究开发中心, 郑州 450003; 2 中国林业科学研究院经济林研究开发中心, 郑州 450003)

摘 要: 利用 27 对 SSR 分子标记对内蒙古地区 13 个西伯利亚杏群体的遗传多样性和遗传结构进行分析, 评价其遗传多样性水平和分化程度, 为内蒙古西伯利亚杏资源的合理保护与利用提供理论依据。结果显示: (1) 27 对 SSR 引物共检测到 512 个等位基因 (N_a), 各位点平均等位基因数 (N_a) 和多态性信息含量 (PIC) 分别为 19 和 0.84; 物种水平上 Shannon's 信息指数 (I) 和期望杂合度 (H_e) 分别为 2.25 和 0.73。 (2) 群体水平上的等位基因 (N_a)、有效等位基因 (N_e)、Shannon's 信息指数 (I)、期望杂合度 (H_e) 和观察杂合度 (H_o) 分别为 6.95、4.48、1.60、0.76 和 0.56; 其中科左后旗群体遗传多样性最丰富, 克什克腾旗群体遗传多样性最低。 (3) 基于 F 统计量分析的遗传分化系数 (F_{st}) 为 0.12, 基因流 (N_m) 为 1.86; 分子方差分析显示内蒙古西伯利亚杏群体大部分遗传变异来自群体内 (92%), 群体间的遗传变异仅占 8%。 (4) 内蒙古西伯利亚杏群体遗传距离为 0.04~0.67, 遗传相似度为 0.33~0.83; 遗传相似度的聚类分析、遗传距离的主坐标分析和遗传结构分析 (Structure) 均将供试 13 个群体划分为 4 组。 Mantel 检测显示, 内蒙古西伯利亚杏群体遗传距离与地理距离呈显著相关关系 ($r=0.453, P<0.01$)。 研究表明, 内蒙古西伯利亚杏资源具有丰富的遗传多样性, 这一特性与其群体的大小、悠久的演化历史以及自身生物学特性相关; 内蒙古西伯利亚杏群体间存在中等程度的遗传分化, 这可能源于自然地理隔离以及近期人类活动引起的生境片段化。

关键词: 西伯利亚杏; SSR; 遗传多样性; 遗传结构

中图分类号: Q346⁺.5; Q789 文献标志码: A

Genetic Diversity and Population Genetic Structure of Siberian Apricot in Inner Mongolia

BAO Wenquan^{1,2}, WUYUN Tana^{1,2*}, WANG Lin^{1,2}, ZHAO Han^{1,2}, DU Hongyan^{1,2}

(1 China Paulownia Research Center, State Forestry Administration, Zhengzhou 450003, China; 2 Non-Timber Forest Research and Development Center, Chinese Academy of Forestry, Zhengzhou 450003, China)

Abstract: In order to provide theoretical support for reasonable protection and utilization of Siberian apricot resources, we analyzed the genetic diversity and population structure of 13 Siberian apricot populations in Inner Mongolia through twenty-seven pairs of SSR markers. The results showed that: (1) a total of 512 alleles (N_a) were identified based on 27 SSR molecular markers, the average number of alleles (N_a) per locus and polymorphism information content (PIC) per locus were 19 and 0.84, respectively. A high level of genetic diversity was revealed by Shannon's information index (I , 2.25) and expected heterozygosity (H_e , 0.73) at species level. (2) The average number of alleles (N_a), number of effective alleles (N_e), Shannon's information index (I), expected heterozygosity (H_e) and observed heterozygosity (H_o) were 6.95, 4.48, 1.60, 0.76 and 0.56, respectively. Among them, Keleshouqi population had the richest genetic diversity, and Keshiketengqi population had the lowest genetic diversity. (3) Based on F statistic analysis, the genetic differentiation coefficient (F_{st}) was 0.12, and gene flow (N_m) was 1.86; molecular variance analysis showed that most genetic variation of Siberian apricot populations in Inner Mongolia came from within populations (92%), and genetic variation between populations only accounted for 8%. (4) Genetic distance of Siberian apricot populations in Inner Mongolia was 0.04~0.67, genetic similarity was 0.33~0.83; cluster analysis of genetic similarity, principal coordinate analysis of genetic distance and genetic structure analysis (Structure) all divided 13 populations into 4 groups. Mantel test showed that genetic distance of Siberian apricot populations in Inner Mongolia was significantly correlated with geographic distance ($r=0.453, P<0.01$). The study shows that Siberian apricot resources in Inner Mongolia have rich genetic diversity, which is related to the size of the population, the long evolutionary history and its own biological characteristics; there is a moderate degree of genetic differentiation between Siberian apricot populations, which may be due to natural geographical isolation and habitat fragmentation caused by recent human activities.

收稿日期: 2016-09-26; 修改稿收到日期: 2016-11-16

基金项目: 国家十二五课题支撑 (2013BAD14B02)

作者简介: 包文泉 (1988-), 男, 在读博士, 主要从事经济林育种方面的研究。E-mail: 48369742@qq.com

* 通信作者: 乌云塔娜, 教授, 博士生导师。主要从事经济林育种和林业生物技术方面的研究。E-mail: tanatanann@163.com

Shannon's information index (I), expected heterozygosity (H_e) and observed heterozygosity (H_o) were 6.95, 4.48, 1.60, 0.76 and 0.56, respectively at population level. Comprehensive analysis suggested that Kezuohouqi population exhibits the highest level of genetic diversity, whereas the population of Keshiketengqi exhibits the lowest level of genetic diversity. (3) The genetic differentiation coefficient (F_{st}) based on F -statistic and gene flow (N_m) were 0.12 and 1.86, respectively; Analysis of molecular variance showed that the most of the genetic variation within population (92%), more than that among populations (8%). (4) The genetic distance among populations in Inner Mongolia Siberian apricot ranged from 0.04 to 0.67, the genetic identity among populations in Inner Mongolia Siberian apricot ranged from 0.33 to 0.83. UPGMA cluster analysis, principal coordinates analysis (PCoA) and structure analysis showed that 13 populations could be divided into four clusters. The Mantel test showed that the genetic distance among the populations was significantly correlated with geographic distance ($r = 0.453$, $P < 0.01$). All the results supported that the genetic diversity of Siberian apricot in Inner Mongolia was relatively abundant, which was related to its size of population, long historical evolution and biological characteristics. There was a moderate genetic differentiation among populations, which resulted from the geographical isolation and fragmented environments caused by current human influences.

Key words: Siberian apricot; SSR; genetic diversity; genetic structure

遗传多样性是物种鉴别、进化及合理保护利用的核心基础^[1]。随着分子生物学技术的快速发展和不断完善,SSR(simple sequence repeat)分子标记已被普遍应用于群体遗传多样性和遗传结构研究中^[2-3],它具有共显性、重复性好和遗传信息量大等特点,能够很好地满足遗传多样性和遗传结构等研究要求,是目前大家所用最多并且较为理想的分子标记^[4]。

西伯利亚杏(*Armeniaca sibirica* L.)又称山杏,属于蔷薇科(Rosaceae)杏属(*Armeniaca*),多年生落叶小乔木或灌木,自交不亲和,广泛分布于中国北方地区^[5]。西伯利亚杏抗寒、抗旱能力极强,其核仁富含蛋白质、脂肪、糖以及微量苦杏仁苷,是食品、化妆品和制药工业等的重要原料^[6],具有很高的开发利用前景。然而,目前西伯利亚杏遗传多样性研究多以中国东北、华北地区为研究对象^[7-8],对其分布最为集中的内蒙古地区研究较少^[9]。内蒙古位于中国北部边疆,地域辽阔,日照充足,土壤肥沃,其独特的自然地理环境为西伯利亚杏的分布演化提供了极有利的生态条件,孕育着丰富的西伯利亚杏资源,可为中国杏资源的改良及其新品种选育提供重要的遗传基础^[10]。已有学者基于叶片、果实、果核和核仁等重要性状指标,分析内蒙古西伯利亚杏遗传变异特征^[11]。但形态指标易受环境影响,因此,本研究利用 27 对 SSR 分子标记,对内蒙古地区野生西伯利亚杏 13 个群体的 141 份种质进行研究,揭示内蒙古西伯利亚杏遗传多样性及遗传结构,为西伯利亚杏种质资源的有效保存及合理利用提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 材料来源

2013 年 6~7 月期间对内蒙古地区野生西伯利亚杏进行野外调查,采集到 13 个群体,共 141 个个体(表 1,图 1),每个群体随机选择 7~16 个单株,相邻株间至少相距 50 m 左右,选取当年生无病虫害的新鲜嫩叶,采集后迅速放入液氮,置于 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 保存。

1.2 SSR 分析

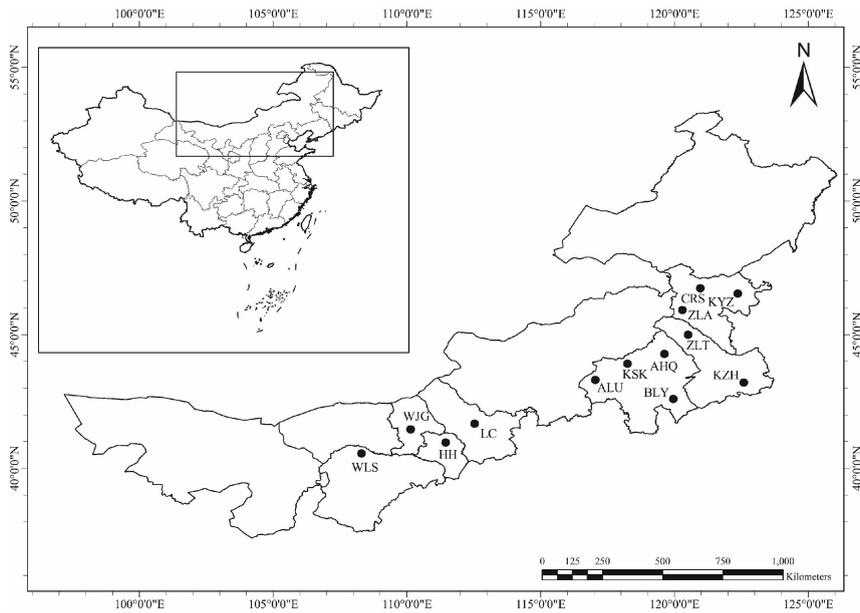
采用改良 CTAB 法^[12],提取基因组 DNA,用 1%琼脂糖凝胶电泳及分光光度计检测含量及纯度后,将浓度调至 $50\text{ ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$,保存于 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 度低温冷藏冰箱备用。

根据已报道的桃属植物 SSR 引物,筛选出多态性高、重复性好的 27 对用于本研究(表 2);PCR 扩增反应体系为 $20\text{ }\mu\text{L}$ 混合体系,由 $1\text{ }\mu\text{L}$ DNA 模板($10\sim 20\text{ ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$), $0.2\text{ }\mu\text{L}$ $2\times$ Tab Master Mix, $2\text{ }\mu\text{L}$ $10\times$ buffer, $0.5\text{ }\mu\text{L}$ dNTP($2.5\text{ mmol}\cdot\text{L}^{-1}$)、DMSO(10%)、荧光正向引物和反向引物($0.8\text{ }\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$), $14.8\text{ }\mu\text{L}$ 无菌去离子水(ddH₂O);反应条件如下: $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min,30 次循环的 $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, $55\text{ }^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s 和 $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s,15 次循环的 $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, $54\text{ }^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s 和 $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s, $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 终延伸 5 min。SSR 扩增产物经由 DNA 分析仪(ABI 3500XL, Applied Biosystems, USA)进行检测,利用 Gene-Marker 软件(Soft Genetics LLC, USA)读取结果,并记录每个位点的片段大小。

表 1 内蒙古 13 个野生西伯利亚杏群体地理位置及采样信息

Table 1 Geographical and sampling information of thirteen natural populations of Siberian apricot in Inner Mongolia

居群编号 Code	群体 Population	经/纬度 Longitude and latitude	样品数 Sample size
ZLA	扎赉特旗 ZhalaitEQi	122°53'37.52"/46°43'16.25"	15
CRS	察尔森 Chaersen	121°57'14.95"/46°16'27.85"	8
KYZ	科右中旗 Keyouzhongqi	121°28'41.86"/45°03'24.03"	10
ZLT	扎鲁特旗 Zhaluteqi	120°54'21.66"/44°33'16.36"	7
KZH	科左后旗 Kezuohouqi	122°41'06.82"/43°11'17.13"	10
ALU	阿鲁科尔沁旗 Alukeqinqi	120°03'28.86"/43°52'10.64"	9
BLY	巴林右旗 Balinyouqi	118°39'29.67"/43°31'54.09"	10
AHQ	敖汉旗 Aohanqi	119°54'57.02"/42°17'19.75"	13
KSK	克什克腾旗 Keshiketengqi	117°32'14.76"/43°15'50.56"	15
LC	凉城 Liangcheng	112°29'49.47"/40°31'49.36"	9
HH	和浩特和林 Huhehaotehelin	111°48'50.74"/40°22'38.68"	9
WJG	万家沟 Wanjiagou	111°01'2.36"/40°45'21.73"	10
WLS	乌拉山 Wulashan	108°44'10.95"/40°40'14.01"	16



图中字母代表居群编号,同表 1,下同

图 1 内蒙古地区 13 个西伯利亚杏群体的地理位置

Letters in figure one are population codes are consistent with those in Table 1, the same as follows

Fig. 1 Geographic distribution of the thirteen populations of Siberian apricot in Inner Mongolia

1.3 数据分析

利用 Data Formater 2.7.2^[20] 软件将 SSR 原始数据转化成后期分析软件运行格式,应用 Popgene32^[21] 软件计算等位基因 (N_a)、有效等位基因 (N_e)、Shannon's 信息指数 (I)、期望杂合度 (H_e)、观察杂合度 (H_o)、近交系数 (F)、遗传距离 (D)、遗传相似度 (I)、 F -统计量 (F -statistics, 包括 F_{is} 和 F_{st})、基因流 (N_m) 和等位基因频率。多态性信息含

量 (PIC) 通过公式 $PIC = 1 - \sum P_{ij}^2$ 计算 (P_{ij} 为第 i 个位点第 j 个等位变异出现频率占该位点全部等位变异出现频率的比率)。利用 Arlequin 3.5^[13] 软件进行哈迪-温伯格平衡 (Hardy-Weinberg equilibrium, HWE) 检测和分子方差分析 (AMOVA)。由经纬度计算群体间的地理距离 (km), 应用 TFPGA 软件^[22] 进行 Mantel 检测, 分析地理距离和遗传距离的相关性。利用 NTSYS pc version 2.10e^[23] 软件,

表 2 SSR 引物信息

Table 2 SSR primers and their information used for genetic diversity analysis

来源 Origin	引物名 Primer name	引物序列 Primer sequence (5'→3')		重复单元 Motif	退火温度/℃ Annealing temperature	参考文献 Reference
		正向 Forward	反向 Reverse			
	UDP98-409	CGGACTCTTATCTCTATCAACA	GCTGATGGGTTTTATGGTTTTTC	(AG) ₁₉	55	[13]
	UDP98-021	AAGCAGCAATTGGCAGAATC	GAATATGAGACGGTCCAGAAGC	(GA) ₂₂ (CA) ₁₁	55	[13]
	UDP96-003	TTGCTCAAAAGTGTCGTTGC	ACACGTAGTGCAACACTGGC	(CT) ₁₁ (CA) ₂₈	55	[13]
	UDP97-401	TAAGAGGATCATTTTTGCCTTG	CCCTGGAGGACTGAGGGT	(GA) ₁₉	54	[13]
	UDP98-406	TCGAAACTGGTAGTATGAACAGA	ATGGGTCGTATGCACAGTCA	(AG) ₁₅	53	[13]
	UDP97-402	TCCCATAACCAAAAAACACC	TGGAGAAGGGTGGGTACTIONT	(AG) ₁₇	55	[13]
	UDP98-412	GCTGAAGACGACGATGATGA	AGGGAAGTTTCTGCTGCAC	(AG) ₂₈	55	[13]
	BPPCT-004	CTGAGTGATCCATTTGCAGG	AGGGCATCTAGACCTCATTGTT	(CT) ₂₂	56	[14]
	BPPCT-007	TCATTGCTCGTCATCAGC	CAGATTTCTGAAGTTAGCGGTA	(AG) ₂₂ (CG) ₂ (AG) ₄	55	[14]
	BPPCT-008	ATGGTGTGTATGGACATGATGA	CCTCAACCTAAGACACCTTCACT	(GA) ₃₆	54	[14]
桃 <i>Prunus persica</i>	BPPCT-002	CAATGCCTACGGAGATAAAAGAC	TCGACAGCTTGATCTTGACC	(AG) ₂₅	55	[14]
	BPPCT-023	AGATGTGCTCGTAGTTCGGAC	TGCAGCTCATTACCTTTTGC	(CT) ₂₁	55	[14]
	PceGA25	GCAATTCGAGCTGTATTTTCAGATG	CAGTTGGCGGCTATCATGTCTTAC	(GA) ₂₁	56	[15]
	MA039a	AGAAAGGCACTTTATCTAGG	TTGTTTTGGGGATGGTAGT	(GA) ₂₃	55	[16]
	MA007a	GTGCATCGTTAGGAACAGCC	GCCCCTGAGATACAACAGCA	(TC) ₄ C(CT) ₂₇	55	[16]
	M6a	AGAAGGGCAAGCCCAAGTGC	TGCAAAGCCAGAGCCACAA	(AG) ₁₄	55	[16]
	Pchgms5	GTCAGAGGTACACCAG	CGCCCATGACAACTTA	(CA) ₉ (TA) ₈	55	[17]
	pchgms12	CGACACTTAGCTAGAAGTTGCCTTA	TCAAGCTCAAGGTACCAGCA	(CT) ₉ (TC) ₂₀ (CA) ₉	55	[17]
	Pchgms3	CAACCTGTGATGTCTCTATTAAC	ACGGTATGTCGTACACTCTCCATG	(CT) ₁₉	55	[17]
	aprigms24	GATTATCCCTCAACCCATCC	ATCTGCTCTTCCCTCACCT	(TA) ₁₂	55	[18]
MA020a	CTTGCCATTTATGTACTGA	TATATCGCATAATCACGGTC	(AG) ₂₃	54	[16]	
aprigms18	ACAGAAATGTGCGTTGCTTTA	TCTGAGTTCAGTGGGTAGCA	(TA) ₈	54	[18]	
甜樱桃 <i>Prunus avium</i>	PMS67	AGTCTCTCACAGTCAGTTTCT	TTAACTTAACCCCTCTCCCTCC	(CT) ₂₃	55	[15]
	PMS2	CACTGTCTCCCAGGTAAACT	CCTGAGCTTTTGACACATGC	(CT) ₂₁	54	[15]
	Pchgms4	GTTGAGGCAAAAGACTTCAAT	ATCTTACAACCCTAATGTC	(CT) ₂₁	55	[17]
扁桃 <i>Prunus communis</i>	ASS R71	AACTTTGTCTGCCTCTCATCTTA	AGCAGCCATTTCTTCTCTTG	(GA) ₁₅	55	[19]
	ASS R72	AAGTGGGATTGGTAGGGAGGAAG	CTACGGAGCCAGTTGAGAAAAG	(TC) ₁₉	55	[19]

以 Nei's 遗传相似系数作为参数,用非加权组平均法(UPGMA)完成聚类分析。应用 GenAlEx^[24] 软件进行遗传距离的主坐标分析(PCoA)。利用 Structure^[25] 软件的贝叶斯聚类法,对每个个体的遗传背景进行分组,并求相应的 Q 值(Ancestry Value,即某一材料基因组变异源于某个群体的概率),先设定群体数(K)为 1~13,使用马尔可夫链法(Markov's chain Monte Carlo, MCMC),设 burn-in 为 100 000 次,run-length 为 1 000 000 次迭代,重复运行 20 次,然后依据 ΔK 值最大的原则选取最佳 K 值^[26]。

2 结果与分析

2.1 SSR 位点遗传多样性

SSR 位点遗传多样性检测(表 3)可知,内蒙古西伯利亚杏具有丰富的遗传多样性;27 个 SSR 位点共检测到 512 个等位基因(N_a),各位点从 12 个(BPPCT023)到 28 个(BPPCT004 和 pchgms5),平均每位点为 19 个;Shannon's 信息指数(I)在 1.29~2.73 之间,均值为 2.25;期望杂合度(H_e) 在 0.31~0.85 之间,平均为 0.73;观察杂合度(H_o) 在 0.07~0.88 之间,平均为 0.56。供试 27 个 SSR 位点中,

表 3 27 个 SSR 位点的遗传分析结果

Table 3 Genetic analysis of twenty-seven SSR loci

位点 Locus	N_a	N_e	I	H_e	H_o	PIC	F_{is}	F_{st}	N_m
UDP98-409	23	11.39	2.71	0.77	0.35	0.91	0.55	0.16	1.34
Pchgms3	17	6.46	2.17	0.76	0.56	0.85	0.26	0.13	1.72
Pchgms5	28	5.61	2.46	0.65	0.37	0.82	0.43	0.15	1.41
MA020A	17	9.27	2.47	0.80	0.67	0.89	0.17	0.11	2.04
pchgms12	18	8.03	2.33	0.75	0.54	0.88	0.28	0.13	1.75
BPPCT-002	26	11.69	2.73	0.77	0.72	0.91	0.06	0.13	1.73
MA007a	16	6.34	2.17	0.74	0.63	0.84	0.16	0.10	2.37
MA039a	25	10.43	2.66	0.81	0.63	0.90	0.22	0.11	2.06
aprigms24	18	4.01	1.84	0.64	0.16	0.75	0.75	0.13	1.62
Pchgms4	22	7.60	2.37	0.73	0.56	0.87	0.23	0.14	1.59
PMS2	17	7.67	2.27	0.72	0.58	0.87	0.20	0.14	1.53
aprigms18	17	4.26	1.91	0.63	0.49	0.77	0.21	0.13	1.71
PMS67	19	5.20	2.17	0.73	0.48	0.81	0.33	0.17	1.20
UDP98-021	13	2.13	1.29	0.31	0.07	0.53	0.78	0.12	1.77
BPPCT-023	12	3.38	1.47	0.60	0.28	0.70	0.53	0.17	1.22
UDP98-412	13	7.44	2.21	0.77	0.49	0.87	0.37	0.13	1.67
M6a	13	3.04	1.44	0.58	0.35	0.67	0.40	0.16	1.36
ASSR71	13	5.34	1.86	0.68	0.67	0.81	0.01	0.16	1.35
ASSR72	13	6.30	2.09	0.76	0.53	0.84	0.30	0.11	2.10
BPPCT-004	28	10.18	2.66	0.81	0.78	0.90	0.04	0.10	2.38
BPPCT-007	21	12.28	2.67	0.81	0.83	0.92	-0.03	0.10	2.33
BPPCT-008	18	8.10	2.37	0.80	0.65	0.88	0.19	0.09	2.63
PCEGA25	24	11.16	2.70	0.83	0.82	0.91	0.01	0.10	2.38
UDP96-003	24	10.71	2.62	0.85	0.88	0.91	-0.04	0.08	3.04
UDP97-401	16	7.37	2.17	0.74	0.54	0.86	0.27	0.12	1.79
UDP98-406	25	11.78	2.65	0.80	0.83	0.92	-0.03	0.10	2.17
UDP97-402	17	7.44	2.29	0.75	0.49	0.87	0.34	0.11	1.97
均值 Mean	19	7.58	2.25	0.73	0.56	0.84	0.26	0.12	1.86

注: N_a . 等位基因; N_e . 有效等位基因; I . Shannon's 信息指数; H_e . 期望杂合度; H_o . 观察杂合度; PIC . 多样性信息指数; F_{is} . 居群内近交系数; F_{st} . 遗传分化系数; N_m . 基因流

Notes: N_a . Number of alleles; N_e . Effective number of alleles; I . Shannon's information index; H_e . Expected heterozygosity; H_o . Observed heterozygosity; PIC . Polymorphism information content; F_{is} . Inbreeding coefficient at the population level; F_{st} . Proportion of differentiation among populations; N_m . Gene flow

绝大多数位点(24)近交系数(F_{is})为正值,说明绝大多数位点表现杂合子缺失。各位点多态信息含量指数(PIC)为 0.53~0.92,平均为 0.84;表明所选引物均为高度多态性引物($PIC > 0.5$),故较适于对供试材料进行遗传多样性等分析。

2.2 群体遗传多样性和遗传分化

群体遗传多样性分析结果显示(表 4),13 个西伯利亚杏群体中的有效等位基因数(N_e)为 3.17~

5.22,平均为 4.48。期望杂合度(H_e)和观察杂合度(H_o)分别在 0.66~0.81 和 0.48~0.62 之间,平均值分别为 0.76 和 0.56。Shannons 信息指数(I)在 1.24~1.74 范围内,平均值为 1.60。由 N_e 、 H_e 、 I 可知,内蒙古西伯利亚杏群体遗传多样性水平较高,其中,科左后旗群体遗传多样性最高,扎鲁特旗次之,克什克腾旗群体遗传多样性最低。除万家沟(WJG)群体外,其余 12 个群体均有特有等位基因(2~8),

表 4 内蒙古 13 个西伯利亚杏群体的遗传多样性

Table 4 Genetic diversity among thirteen populations of Siberian apricot in Inner Mongolia

群体 Population	N_a	N_e	I	H_o	H_e	F	HWE	PAS
ZLA	6.00	4.40	1.54	0.55	0.78	0.24	0.32	3
CRS	7.04	4.66	1.61	0.56	0.76	0.25	0.36	4
KYZ	7.15	5.08	1.68	0.57	0.80	0.26	0.33	2
ZLT	7.85	5.12	1.73	0.56	0.78	0.29	0.23	3
KZH	7.30	5.22	1.74	0.62	0.81	0.23	0.27	3
ALU	7.15	4.97	1.66	0.62	0.78	0.16	0.33	3
BLY	6.48	4.45	1.61	0.58	0.80	0.24	0.27	2
AHQ	8.15	4.96	1.73	0.57	0.78	0.27	0.33	4
KSK	4.85	3.17	1.24	0.51	0.66	0.24	0.33	6
LC	5.37	3.47	1.31	0.53	0.67	0.18	0.44	3
HH	7.81	3.23	1.30	0.48	0.66	0.33	0.22	8
WJG	8.22	4.85	1.71	0.53	0.78	0.32	0.18	0
WLS	6.93	4.69	1.62	0.55	0.77	0.28	0.20	4
均值 Mean	6.95	4.48	1.60	0.56	0.76	0.25	0.29	3.46

注: F . 近交系数; HWE . 哈代-温伯格平衡; PAS . 特有等位基因

Notes: F . Inbreeding coefficient; HWE . Hardy-Weinberg Equilibrium; PAS . Private alleles

表 5 内蒙古西伯利亚杏群体的分子方差分析

Table 5 Analysis of molecular variance analysis (AMOVA) among populations of Siberian apricot in Inner Mongolia

变异来源 Source of variation	自由度 df	离差平方和 Sum of squares	方差分量 Variance components	分量比例 Percentage of variation/%	P 值 P value
群体间 Among populations	12	159.454	0.914	8.00	<0.01
群体内 Within population	128	4 289.420	10.790	92.00	<0.01
总 Total	140	4 448.874 211	11.934		

其中克什克腾旗(KSK)和呼和浩特(HH)群体较特殊,两个群体遗传多样性最低,然而持有的特有等位基因却最多,分别为 6 和 8。

F 统计量结果显示,内蒙古西伯利亚杏在不同 SSR 位点遗传分化(F_{st})存在差异(表 3),遗传分化系数范围为 0.08~0.17,均值为 0.12,说明 12% 的遗传变异存在于群体间,绝大部分遗传变异存在于群体内部。AMOVA 分析结果也显示(表 5),内蒙古西伯利亚杏遗传变异主要存在于群体内(92%),群体间的遗传变异仅占 8%。通过 Hardy-Weinberg 检测显示,内蒙古 13 个西伯利亚杏群体均处于平衡状态(表 4)。近交系数是评价群体偏离哈迪-温伯格平衡的程度,通过对内蒙古西伯利亚杏近亲繁殖检测可知(表 4),13 个群体近交系数(F)均大于 0(0.16~0.33),平均为 0.25,表明内蒙古西伯利亚杏群体均表现杂合子不足,群体内部存在一定程度的近交。群体总基因流(N_m)为 1.86,其中,扎鲁

特旗与科左后旗群体间遗传分化最小($F_{st}=0.01$),基因流最大($N_m=24.21$);呼和浩特与克什克腾旗群体遗传分化最大($F_{st}=0.21$),基因流最小($N_m=0.97$)。表明内蒙古西伯利亚杏群体间存在中等程度的遗传分化,群体间可能通过杂交或基因渗透存在一定的基因交流。

2.3 群体遗传结构

根据 Nei's 遗传距离和遗传相似度(表 6)可知,内蒙古西伯利亚杏群体遗传距离为 0.04~0.67,遗传相似度为 0.33~0.83,其中科左后旗群体与呼和浩特群体遗传距离最大,遗传相似度最小;科左后旗与扎鲁特旗群体遗传距离最小,遗传相似度最大。遗传相似系数的 UPGMA 聚类分析(图 2)和遗传距离的主坐标分析(PCoA)(图 3),均将供试 13 个群体划分为 4 组,其中第 I 组包括扎赉特旗(ZLA)、乌兰浩特察尔森(CRS)、敖汉旗(AHQ)、巴林右旗(BLY)、克什克腾旗(KSK)、万家沟(WJG)和凉城

表 6 群体间遗传相似度(对角线上方)和遗传距离(对角线下方)

Table 6 Genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) among populations

群体 Population	ZLA	CRS	KYZ	ZLT	KZH	ALU	BLY	AHQ	KSK	LC	HH	WJG	WLS
ZLA		0.68	0.65	0.61	0.63	0.60	0.67	0.69	0.61	0.60	0.37	0.71	0.49
CRS	0.19		0.74	0.72	0.71	0.70	0.72	0.81	0.62	0.61	0.37	0.75	0.50
KYZ	0.21	0.13		0.68	0.68	0.70	0.62	0.70	0.57	0.53	0.37	0.73	0.49
ZLT	0.32	0.19	0.24		0.82	0.83	0.60	0.70	0.56	0.53	0.36	0.71	0.45
KZH	0.26	0.18	0.19	0.04		0.79	0.62	0.67	0.56	0.51	0.31	0.71	0.40
ALU	0.38	0.27	0.24	0.04	0.08		0.64	0.68	0.56	0.58	0.40	0.70	0.48
BLY	0.20	0.13	0.22	0.32	0.24	0.34		0.73	0.61	0.71	0.39	0.71	0.53
AHQ	0.19	0.07	0.19	0.24	0.24	0.30	0.14		0.69	0.69	0.42	0.80	0.55
KSK	0.33	0.36	0.41	0.48	0.44	0.53	0.33	0.25		0.71	0.37	0.80	0.52
LC	0.34	0.36	0.49	0.51	0.53	0.46	0.21	0.26	0.24		0.43	0.72	0.57
HH	0.59	0.61	0.58	0.63	0.62	0.57	0.49	0.53	0.56	0.46		0.42	0.53
WJG	0.18	0.16	0.16	0.23	0.19	0.29	0.17	0.10	0.11	0.21	0.59		0.56
WLS	0.53	0.55	0.54	0.67	0.66	0.67	0.44	0.46	0.53	0.42	0.52	0.45	

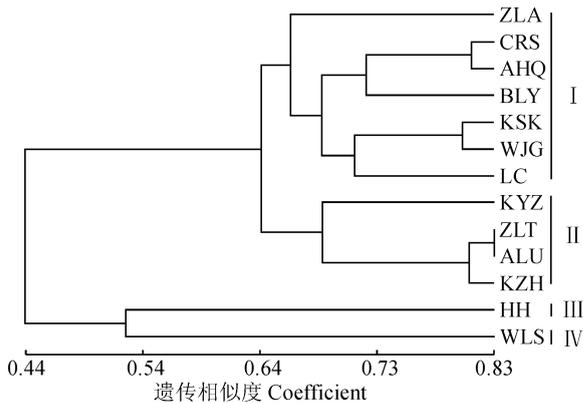


图 2 遗传相似度的 UPGMA 聚类分析

Fig. 2 UPGMA dendrogram based on genetic identity

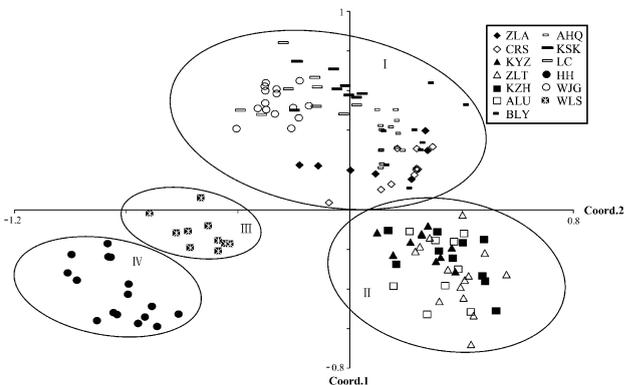
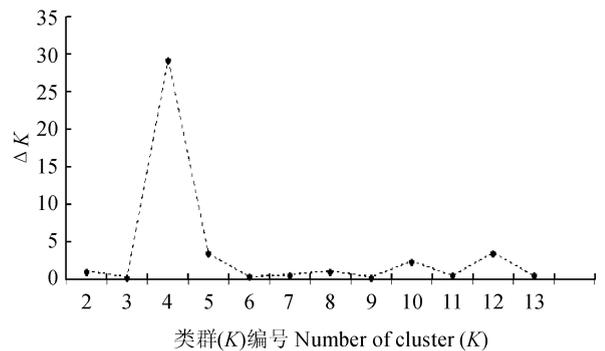


图 3 遗传距离的主坐标分析

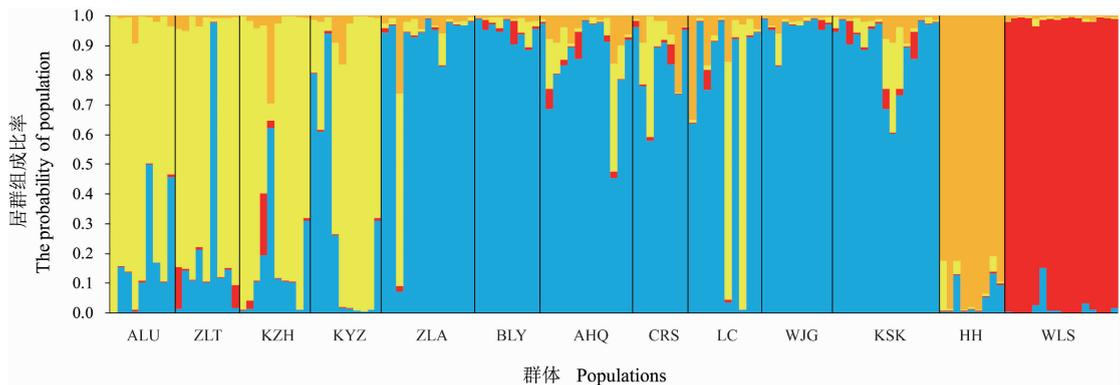
Fig. 3 Principal coordinates analysis based on genetic distance

(LC)等 7 个群体;第 II 组包括科右中旗(KYZ)、扎鲁特旗(ZLT)、阿鲁科尔沁旗(ALU)和科左后旗(KZH)等 4 个群体;第 III 组包括呼和浩特群体

图 4 利用 ΔK 值推断参试材料的合理组群数划分Fig. 4 Reasonable groups number of tested apricot germplasms inferred by ΔK

(HH);第 IV 组包括乌拉山(WLS)群体。大部分地理位置较近的群体都划分至相同类组中,这与 Mantel 检测结果相吻合,即遗传距离与地理距离呈显著相关($r=0.453, P<0.01$)。

为了进一步探讨内蒙古西伯利亚杏群体间的遗传关系,利用 Structure 软件进行群体遗传结构分析,结果表明, ΔK 在 $K=4$ 时具有明显的峰值(图 4),因此,将内蒙古西伯利亚杏划分为 4 个类群(图 5),划分结果与上述聚类分析和主坐标分析结果一致,第 I 组包括 ZLA、CRS、AHQ、BLY、KSK、WJG 和 LC 等 7 个群体;第 II 组包括 KYZ、ZLT、ALU 和 KZH 等 4 个群体;第 III 组包括 HH 群体的 9 个单株;第 IV 组包括 WLS 群体的 16 个单株。对 141 份杏个体的 Q 值进行统计分析,其中有 131 个(占 92.9%)单株遗传组分相对单一($Q>0.6$),并被划分到相应的 4 个类群中。



图中蓝、黄、橙和红色分别代表类群 I、II、III 和 IV; 相同的颜色代表一个类群

图 5 基于 Structure 分析的内蒙古西伯利亚杏 13 个野生群体的遗传结构

Blue, yellow, orange and red color in figure five represent group I, II, III and IV; The same color indicates the same group

Fig. 5 Genetic structural map of 13 wild populations of Siberian apricot in Inner Mongolia based on structure analysis

3 讨论

3.1 群体遗传多样性

遗传多样性是物种进化的本质,遗传多样性高的物种,进化潜力大,可更好地适应环境;相反,则更容易受环境影响甚至可能灭绝^[27]。本研究结果显示,内蒙古西伯利亚杏在物种水平上的遗传多样性($N_e=7.58$, $I=2.25$, $H_e=0.73$, $H_o=0.56$),高于此前利用 SSR 分析新疆普通杏的遗传多样性^[28] ($H_e=0.29$, $I=0.43$)、华北生态区普通杏的遗传多样性^[29] ($H_e=0.67$, $I=1.44$)以及新疆野杏的遗传多样性^[30] ($H_e=0.30$, $I=0.44$),表明内蒙古西伯利亚杏具有丰富的遗传多样性,与包文泉等^[11]及刘华波等^[7]研究中国西伯利亚杏的结果相吻合;相比于其他野生资源,如新疆野生苹果 (*Malus pumila* Mill.)^[31] ($H_e=0.262$, $I=0.408$)、中国野生核桃 (*Juglans regia* Linn.)^[32] ($N_e=2.81$, $H_e=0.61$)及四川野生樱桃 (*Padus buergeriana*)^[33] ($H_e=0.695$, $I=1.526$),内蒙古西伯利亚杏仍表现出较高的遗传多样性。究其原因,一方面可能研究的天然群体大小及生态类型不同所致,西伯利亚杏在内蒙古分布广泛,能够适应各种环境,群体面积较大。同时,作为多年生野生资源,长期的演化和扩散,使其累积了丰富的遗传变异。另一方面,西伯利亚杏自交不亲和、虫媒花等繁育特征与物种遗传多样性较高的特点相契合^[34-35]。因此,居群面积大、悠久的演化历史以及自身生物学特征是内蒙古西伯利亚杏遗传多样性高的主要原因。

3.2 群体遗传分化和遗传结构

群体遗传分化系数 (F_{st}) 是反映群体遗传结构

的重要指标^[36], Wright^[37] 指出, F_{st} 值在 $0 \sim 0.05$ 时,群体间的遗传分化很小; F_{st} 为 $0.05 \sim 0.15$, 群体间存在中等程度的遗传分化; F_{st} 为 $0.15 \sim 0.25$, 群体间遗传分化较大; F_{st} 大于 0.25 , 群体间有很大的遗传分化。本研究 F 统计量 ($F_{st}=0.12$) 和 AMOVA 分析 ($F_{st}=0.08$) 结果显示,内蒙古西伯利亚杏群体间存在中等程度的遗传分化,此结果高于刘华波等^[7] 利用 SSR 标记分析燕山山脉西伯利亚杏群体遗传分化 ($F_{st}=0.044$), 相比于其他一些近缘种的豆梨 (*P. calleryana*)^[38] ($F_{st}=0.088$) 和秋子梨 (*P. ussuriensis*)^[39] ($F_{st}=0.072$) 等,内蒙古西伯利亚杏仍表现较高的遗传分化。造成这一结果的可能原因如下:首先,基因流 (N_m) 是影响群体遗传分化的重要因素,其强弱对群体遗传分化具有重要影响, N_m 大于 1 时能有效阻止遗传漂变引起的遗传分化,反之,则难以抵制群体内遗传漂变引起的遗传分化^[37]。内蒙古西伯利亚杏群体总基因流 (N_m) 为 1.86, 表明各个居群间存在一定的基因交流,但 N_m 强度相对而言不高,并且各群体个体间存在着近交 ($F > 0$), 因此群体间的基因流程度也有限。一般情况下,自交不亲和植物,会拒绝自花授粉或近亲交配;但因地理隔离或生境片段化,花粉传播被限制,随机交配系统被打破,群体中会发生一定的近亲繁殖^[7,39]。内蒙古横跨东北、华北、西北地区,境内高山众多,峡谷深切,地形地貌十分复杂,使得物种区域分布的山脉阻隔特点突出,对物种不同的居群具有天然的隔离作用。本研究中,聚类分析、主坐标分析和群体遗传结构分析结果显示,大部分群体均按地理分布优先聚为一类,这与 Mantel 检测结果一致,即内蒙古西伯利亚杏群体遗传距离与地理距离

呈显著相关($r=0.453, P<0.01$)。表明内蒙古西伯利亚杏群体间存在地理隔离效应,削弱了群体间的基因交流机会,引起了居群间遗传分化的加剧。其次,生境片段化是影响生态系统的组成、结构及物种遗传结构的重要因素^[40];作者在野外调查研究中发现内蒙古地区西伯利亚杏生活环境差异很大,部分群体形成优势种(如 WJG 和 AHQ 群体),而部分群体则遭人为破坏或生境退化,使群体分布呈片段化(如 WLS 和 ALU 群体),后者必然会限制群体间和群体内部的基因流,引起遗传分化。因此,内蒙古西伯利亚杏在自然地理隔离、人类活动以及生境片段化等多重因素的共同作用下,表现出中等程度的遗传分化。

本研究利用 27 对 SSR 分子标记对内蒙古地区 13 个西伯利亚杏群体遗传多样性及遗传结构进行分析,结果显示,内蒙古西伯利亚杏具有丰富的遗传多样性,这与内蒙古西伯利亚杏居群面积大、悠久的演化历史以及自身生物学特征等相关。内蒙古西伯利亚杏遗传变异主要来自群体内部,然而,在自然地理隔离、人类活动以及生境片段化等因素的作用下,使其群体之间已呈现中等程度的遗传分化($F_{st}=0.12$)。UPGMA 聚类分析、主坐标分析和遗传结构分析均将 13 个群体划分为 4 大类,表明内蒙古西

伯利亚杏可分为 4 个保护单元(I、II、III 和 IV),因此,对 4 个保护单元中的少数地区遗传多样性高的群体进行优先就地保护,即可代表大部分地区的遗传变异,但每个群体应采集尽可能多的植株,以涵盖该物种的基因库,如 I 组中的敖汉旗(AHQ),II 组中的科左后旗(KZH),III 组的呼和浩特(HH),IV 组的乌拉山(WLS)。另外,乌拉山(WLS)和阿鲁科尔沁(ALU)群体受人为干扰较明显,这些群体在遗传保护中需要给予相应的重视;建议应限制人为活动对其破坏,尽可能地保持其原有的生境,让其自我恢复,恢复其连续分布状态;并在生境破碎区补植幼苗,加强抚育管理。同时也要迁地保护一些特异群体,避免一些特殊基因的损失,如克什克腾(KSK)和呼和浩特(HH)2 个群体遗传多样性低却含有较多的特异等位基因,这些特有等位基因的出现可能是西伯利亚杏适应局部环境变化的结果,对维持群体遗传结构和遗传多样性的保持十分重要。并建议在其遗传多样性水平较高的地区建立西伯利亚杏种质资源库,收集各地区的西伯利亚杏个体、花粉等种质材料进行混合繁殖,促进不同居群之间的基因交流,最大限度地保护西伯利亚杏的遗传多样性,对培育或改良新杏品种具有重要意义。

参考文献:

- [1] HEDRICK P W. Recent developments in conservation genetics [J]. *Forest Ecology and Management*, 2004, **197**(1): 3-19.
- [2] CHEN X M, HE Z H, SHI J R, *et al.* Genetic diversity of high quality winter wheat varieties (lines) based on SSR markers[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2003, **29**(1): 13-19.
- [3] BERTINI C H C, Schuster I, Sedyama T, *et al.* Characterization and genetic diversity analysis of cotton cultivars using microsatellites[J]. *Genetics and Molecular Biology*, 2006, **29**(2): 321-329.
- [4] 盛岩, 郑蔚虹, 裴克全, 等. 微卫星标记在种群生物学研究中的应用[J]. *植物生态学报*, 2002, **26**(增刊): 119-126.
SHENG Y, ZHENG W H, PEI K Q, *et al.* Applications of microsatellites in population biology[J]. *Acta Phytocologica Sinica*, 2002, **26**(Plus): 119-126.
- [5] 俞德俊. 落叶果树分类学[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1984.
- [6] 刘桂森, 张立彬, 王同坤. 野生山杏的生态、经济和社会效益[J]. *河北农业科技*, 1990, **7**(1): 17-18.
LIU G S, ZHANG L B, WANG T K. The ecological, economic and social benefits of wild *Armeniaca sibirica* [J]. *Hebei Agricultural Science and Technology*, 1990, **7**(1): 17-18.
- [7] 刘华波, 王哲, 刘君, 等. 燕山山脉西伯利亚杏的遗传多样性和遗传结构[J]. *林业科学*, 2012, **48**(8): 68-74.
LIU H B, WANG Z, LIU J, *et al.* Genetic diversity and genetic structure of siberian apricot populations in the Yan Mountains[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2012, **48**(8): 68-74.
- [8] 马丽娟, 郭太君, 何丹丹, 等. 东北地区西伯利亚杏 2 个自然居群遗传多样性[J]. *吉林农业大学学报*, 2014, **36**(3): 300-305.
MA L J, GUO T J, HE D D, *et al.* Genetic diversity analysis of two natural *A. sibirica* populations in northeast China[J]. *Journal of Jilin Agricultural University*, 2014, **36**(3): 300-305.
- [9] 王利兵. 我国 3 种杏的地理分布及其植物学性状[J]. *林业科学研究*, 2010, **23**(3): 435-439.
WANG L B. Geographic distribution and botanical characters of 3 *Armeniaca* plant in China[J]. *Forest Research*, 2010, **23**(3): 435-439.
- [10] 王磊. 新疆野苹果和新疆野杏[J]. *新疆农业科学*, 1989, **6**(1): 33-34.
WANG L. Xinjiang wild apple and Xinjiang wild apricot[J]. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 1989, **6**(1): 33-34.
- [11] 包文泉. 内蒙古地区山杏重要性状遗传变异评价及优株选择[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2013.
- [12] 冯晨静, 张元慧, 徐秀英, 等. 14 份杏种质的 ISSR 分析[J]. *河北农业大学学报*, 2007, **28**(5): 52-62.
FENG C J, ZHANG Y H, XU X Y, *et al.* Genetic diversity revealed by ISSR marker in apricot[J]. *Journal of Agricultural University of Hebei*, 2007, **28**(5): 52-62.

- [13] RAFFAELE TESTOLIN, TERESA MARRAZZO, GUIDO CIPRIANI, *et al.* Microsatellite DNA in peach (*Prunus persica* L. Batsch) and its use in fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars [J]. *Genome*, 2000, **43** (3): 512-520.
- [14] DIRLEWANGER E, COSSON P, TAVAUD M, *et al.* Development of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.) [J]. *Theor Appl Genet*, 2002, **105**(6): 127-138.
- [15] CLAUDIO CANTINI, AMY F. IEZZONI, WARREN F, *et al.* DNA fingerprinting of tetraploid cherry germplasm using simple sequence repeats[J]. *JASHS March*, 2001, **126**(2): 205-209.
- [16] YAMAMOTO T, MOCHIDA K, IMAI T, *et al.* Microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] derived from an enriched genomic and cDNA libraries[J]. *Mol. Ecol. Notes*, 2002, **2**(6): 298-301.
- [17] SOSINSKI B, GANNAVAPURU M, HAGER L D, *et al.* Characterization of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch][J]. *Original Article Theoretical and Applied Genetics*, 2000, **101**(3): 421-428.
- [18] WANG, Y, GEORGI, L. L, REIGHARD, G. L, *et al.* Genetic mapping of the evergrowing gene in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch][J]. *J. Hered.*, 2002, **93**(5): 352-358.
- [19] XU Y, MA R C, XIE H, *et al.* Development of SSR markers for the phylogenetic analysis of almond trees from China and the mediterranean region[J]. *Genome*, 2004, **47**(6): 1 091-1 104.
- [20] 樊文强, 盖红梅, 孙 鑫, 等. SSR 数据格式转换软件 DataFormatter[J]. *分子植物育种*, 2016, **14**(1): 265-270.
FAN W Q, GAI H M, SUN X, *et al.* DataFormatter, a software for SSR data formatting to develop population genetics analysis[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2016, **14** (1): 265-270.
- [21] YEH F C, YANG R C, BOYLE T. POPGENE version 1. 32 ed. Software microsoft window based freeware for population genetic analysis[D]. Edmonton, Alta; University of Alberta Press. 1997.
- [22] SOKAL R. Testing statistical significance of geographic variation patterns[J]. *Systematic Zoology*, 1979, **28**: 227-232.
- [23] ROHLF F J. NTSYS-PC: Numerical taxonomy and multivariate analysis system version 1. 80[M]. Setauket New York; Distribution by Exeter Soft Ware, 1994.
- [24] PEAKALL R, SMOUSE P E. GENALEX 6: genetic analysis in excel population genetic software for teaching and research[J]. *Molecular Ecology Notes*, 2006, **6**(1): 288-295.
- [25] PRITCHARD J K, STEPHENS M, DONNELLY P. Inference of population structure using multilocus genotype data [J]. *Genetics*, 2000, **155**(2): 945-959.
- [26] EVANNO G, REGNAUT S, *et al.* Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study[J]. *Molecular Ecology*, 2005, **14** (2): 2 611-2 620.
- [27] 杨 梅, 张 敏, 师守国, 等. 武当木兰种群遗传结构的 ISSR 分析[J]. *林业科学*, 2014, **50**(1): 76-81.
YANG M, ZHANG M, SHI S G, *et al.* Analysis of genetic structure of *Magnolia sprengeri* populations based on ISSR markers[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2014, **50**(1): 76-81.
- [28] 何天明. 中国普通杏 (*Prunus armeniaca*) 种质资源遗传多样性及紫杏 (*P. dasycarpa*) 起源研究[D]. 山东泰安: 山东农业大学, 2005.
- [29] 章秋平, 刘冬成, 等. 华北生态群普通杏遗传多样性与群体结构分析[J]. *中国农业科学*, 2013, **46**(1): 89-98.
ZHANG Q P, LIU D C, *et al.* Genetic diversity and population structure of the north China populations of apricot (*Prunus armeniaca* L.) [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2013, **46**(1): 89-98.
- [30] 刘 娟, 廖 康, 赵世荣, 等. 新疆野杏种质资源遗传多样性及亲缘关系的 ISSR 分析[J]. *新疆农业大学学报*, 2015, **38**(2): 105-113.
LIU J, LIAO K, ZHAO S R, *et al.* Analysis of genetic diversity and genetic relationship of wild apricot germplasm in Xinjiang by ISSR markers[J]. *Journal of Xinjiang Agricultural University*, 2015, **38**(2): 105-113.
- [31] 张春雨, 陈学森, 林 群, 等. 新疆野苹果居群遗传结构和遗传多样性的 SRAP 分析[J]. *园艺学报*, 2009, **36**(1): 7-14.
ZHANG C Y, CHEN X S, *et al.* SRAP markers for population genetic structure and genetic diversity in *Malus sieversii* from Xinjiang, China[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2009, **36**(1): 7-14.
- [32] 王 滑, 郝俊民, 王宝庆, 等. 中国核桃 8 个天然居群遗传多样性分析[J]. *林业科学*, 2007, **43**(7): 120-124.
WANG H, HAO J M, WANG B Q, *et al.* SSR analysis of genetic diversity of eight natural walnut populations in China [J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2007, **43**(7): 120-124.
- [33] 陈 娇, 王小蓉, 汤浩茹, 等. 基于 SSR 标记的四川野生中国樱桃遗传多样性和居群遗传结构分析[J]. *园艺学报*, 2013, **40**(2): 333-340.
CHEN J, WANG X R, TANG H R, *et al.* Assessment of genetic diversity and populations genetic structure in wild Chinese cherry from sichuan province using SSR markers[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2013, **40**(2): 333-340.
- [34] 刘黎明, 刘 萍, 梁凤丽, 等. 新疆野杏花部综合特征与繁育系统初步研究[J]. *新疆农业科学*, 2007, **47**(4): 750-755.
LIU L M, LIU P, LIANG F L, *et al.* Primary study on floral syndrome and breeding system of *Armeniaca vulgaris* Lam [J]. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 2007, **47**(4): 750-755.
- [35] 郑 健, 郑勇奇, 张川红, 等. 花椒树天然群体的遗传多样性研究[J]. *生物多样性*, 2008, **16**(6): 562-569.
ZHENG J, ZHENG Y Q, ZHANG C H, *et al.* Genetic diversity in natural populations of *Sorbus pohuashanensis* [J]. *Biodiversity Science*, 2008, **16**(6): 562-569.
- [36] HAMRICK J, GODT M. Effects of life history traits on genetic diversity in plant species[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B: Biological Sciences*, 1996, **351**: 1 291-1 298.
- [37] WRIGHT S. Evolution and the genetics of populations (Vol. 4) [M] // Variability within and among natural populations, Chicago: University of Vhicago Press, 1978.
- [38] MITSUI Y, ISAGI Y, SETOGUCHI H. Multiple spatial scale patterns of genetic diversity in riparian populations of *Ainsliaea Faurieana* (Asteraceae) on Yakushima Island, Japan[J]. *Amer. J. Bot.*, 2010, **97**: 101-110.
- [39] TANA WUYUN, HITOMI AMO, JINGSHI XU, *et al.* Population structure of and conservation strategies for wild *Pyrus ussuriensis* Maxim. in China[J]. *PLOS one*, 2015, **7**: 1-20.
- [40] YOUNG A, BOYLE T, BROWN T. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants[J]. *Trends in Ecology & Evolution*, 1996, **11**(10): 413-418.