

基于 SSR 标记的新疆野杏群体遗传多样性及遗传结构

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 分子标记对新疆 4 个野杏群体遗传多样性和遗传结构进行分析, 评价新疆野杏遗传多样性水平和分化程度, 为新疆野杏合理保护与利用提供科学依据。结果显示: (1) 27 对 SSR 引物共检测到 431 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 15.96 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 2.21 和 0.78。(2) 群体水平上等位基因数(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 10.98、5.85、1.92、0.79 和 0.55; 其中新源县野杏群体遗传多样性最丰富, 巩留县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 0.05, 基因流(N_m)为 5.26; 分子方差分析显示新疆野杏群体大部分遗传变异来自群体内(95.4%), 群体间的遗传变异仅占 4.6%。(4) 新疆野杏群体遗传距离为 0.06~0.49, 平均为 0.24; 遗传相似度为 0.61~0.94, 平均为 0.80; 遗传相似度的聚类分析和遗传距离的主坐标分析结果一致, 均将供试 4 个群体划分为两组; Mantel 检测显示, 新疆野杏群体遗传距离与地理距离无显著相关($r=0.332$, $P=0.16$)。研究表明, 新疆野杏资源具有丰富的遗传多样性, 群体遗传分化程度较低, 群体间遗传距离较小, 这与新疆野杏群体的大小和悠久的演化历史以及群体间频繁的基因交流相关。

关键词: 野杏; 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 Structure of Wild Apricot in Xinjiang Revealed by SSR Markers

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 wild apricot, we analyzed the genetic diversity and genetic differentiation of four wild apricot populations from Xinjiang by using twenty-seven pairs of SSR (simple sequence repeat) primers. The results showed that: (1) a total of 431 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 15.96 and 0.84, respectively. A high level of genetic diversity was revealed by Shannon's information index (I , 2.21) and expected heterozygosity (H_e , 0.78) at species level. (2) The average number of alleles (N_a), number of effective al-

收稿日期: 2016-06-12; 修改稿收到日期: 2016-08-19

基金项目: 国家十二五课题支撑(2013BAD14B02)

作者简介: 包文泉(1988—), 男, 在读博士研究生, 主要从事经济林育种研究。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研究。E-mail: tanatanann@163.com

leles (N_e), Shannon's information index (I), expected heterozygosity (H_e) and observed heterozygosity (H_o) were 10.98, 5.85, 1.92, 0.79 and 0.55, respectively at population level. Comprehensive analysis suggested that Xinyuanxian population exhibits the highest level of genetic diversity, whereas the population of Gongliuxian exhibits the lowest level of genetic diversity. (3) The genetic differentiation coefficient (F_{st}) based on F -statistic and gene flow (N_m) were 0.05 and 5.26, respectively; Analysis of molecular variance showed that the most of the genetic variation within populations (95.4%), more than that among population (4.6%). (4) The genetic distance among population in Xinjiang wild apricot ranged from 0.06 to 0.49 with average of 0.24; the genetic identity among population in Xinjiang wild apricot ranged from 0.61 to 0.94 with average of 0.80. UPGMA cluster analysis and principal coordinates analysis (PCoA) showed that 4 populations could be divided into two clusters; The Mantel test showed that there was not a significant correlation between the genetic distance and geographic distance ($r=0.332$, $P=0.16$). All the results supported that the genetic diversity of wild apricot in Xinjiang was relatively abundant. Nevertheless, genetic differentiation and genetic distance was relatively lower, which resulted from the size of population, long historical evolution and frequent gene flow.

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

新疆野杏 (*Armeniaca vulgaris* Lam.) 属于蔷薇科 (Rosaceae) 杏属 (*Armeniaca*) 植物^[1], 是中国珍贵野生果树资源之一, 通常被认为是世界栽培杏的原种, 对栽培杏的演化起过重要作用^[2]。伊犁位于新疆维吾尔自治区北天山之中, 具有广阔的山间平原盆地和河谷地, 日照充足、降雨量充沛, 土壤肥沃, 其独特的自然地理环境为野杏的分布演化提供了极有利的生态条件, 孕育着丰富的野杏资源, 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^[3]。已有学者基于叶片、果实和核仁等重要性状指标及 ISSR 分子标记, 分析新疆野杏不同群体遗传多样性和变异特征^[4-5]。但形态指标易受环境影响, 而 ISSR 作为显性分子标记, 所能揭示的遗传信息量有限。SSR (simple sequence repeat) 分子标记技术具有共显性、特异性强和多态性高等优点, 能够很好地满足遗传多样性等研究要求^[6], 是目前大家所用最多并且较为理想的分子标记, 它能避免环境因素的干扰, 也能够有效克服 AFLP 标记的复杂性、RAPD 标记的重复性差以及 ISSR 标记的显性等缺点。近年来 SSR 技术在果树遗传分析中得到广泛应用^[7-9], 但在新疆野杏资源中的应用较少。本研究以 80 份新疆野杏种质为研究材料, 利用 SSR 分子标记对其遗传多样性及遗传结构进行分析, 为新疆

野杏种质资源的合理保护与利用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料来源

新疆野杏种质 (表 1) 均采于 2013 年 6 月。包括新疆伊犁 4 个野杏群体的 80 个个体; 每个群体采集 20 个单株, 分别进行 GPS 定位, 相邻株间至少相距 50 m 左右, 选取幼嫩叶片, 迅速放入液氮, 保存于一 80 ℃ 低温冷藏冰箱, 备提取 DNA。

1.2 SSR 分析

采用改良 CTAB 法^[10], 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 ng · μL⁻¹, 保存于一 80 ℃ 度低温冷藏冰箱备用。

根据已报导的桃属植物 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 μL 混合体系, 由 1 μL DNA 模板 (10~20 ng · μL⁻¹), 0.2 μL 2 × Tab Master Mix, 2 μL 10 × buffer, 0.5 μL dNTP (2.5 mmol · L⁻¹)、DMSO (10%)、荧光正向引物和反向引物 (0.8 μmol · L⁻¹), 14.8 μL 无菌去离子水 (ddH₂O); 反应条件为: 95 ℃ 预变性 5 min; 95 ℃ 变性 30 s, 55 ℃ 退火 30 s, 72 ℃ 延伸 30 s, 30 次循环; 95 ℃ 变性 30 s, 54 ℃

表 1 新疆野杏种质资源信息

Table 1 Information of wild apricot resources in Xinjiang

群体 Population	样品量 Sample size	海拔 Elevation/m	纬度 Latitude(N)	经度 Longitude(E)
新源县 Xinyuanxian	20	1 145~1 346	43.456 2°~43.475 6°	83.425 6°~83.435 6°
霍城县 Huochengxian	20	1 236~1 469	44.365 4°~44.378 9°	81.365 2°~81.375 6°
伊宁县 Yiningxian	20	1 189~1 357	43.362 5°~43.385 6°	81.325 6°~81.375 4°
巩留县 Gongliuxian	20	1 235~1 478	43.456 8°~43.485 6°	82.458 6°~82.473 2°

退火 30 s,72 ℃延伸 30 s,15 次循环;72 ℃终延伸 5 min。SSR 扩增产物经由 DNA 分析仪 (ABI 3500XL) 进行检测,利用 Gene-Marker 软件 (Soft Genetics LLC,USA) 读取结果,并记录每个位点片段大小。

1.3 数据分析

基于 Data Formater 2.7.2 软件^[11]将 SSR 荧光毛细管电泳原始数据转化成后期数据分析软件运行格式,利用 GenAlEx 软件^[12]计算等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、Shannon's 信息指数(I)、期望杂合度(H_e)、观察杂合度(H_o)、遗传距离(D)、遗传相似度(I)、 F -统计量(F -statistics)、基因流(N_m)和等位基因频率。多态性信息含量(PIC)通过公式 $PIC = 1 - \sum f_{ij}^2$ 计算(f_{ij} 为第 i 个位点第 j 个等位基因出现的频率)。利用 Arlequin 3.5 软件^[13]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),采用 TFPGA 软件^[14]进行 Mantel 检测,分析地理距离和遗传距离的相关性;聚类分析利用 NTSYS pc version 2.10e 软件^[15],根据 Nei's 遗传相似系数,用 UPGMA 法完成。主坐标分析(PCoA)以遗传距离做参数,应用 GenAlEx 软件^[12]完成。

2 结果与分析

2.1 群体遗传多样性

基于 27 对 SSR 引物对供试 80 份新疆野杏种质进行毛细管电泳检测,结果(图 1)表明,各引物目的片段清晰,结果准确可靠。27 个 SSR 位点遗传多样性分析结果(表 2)可知,27 个位点共检测到 431 个等位基因,各位点等位基因数从 9 个(MA020A)到 27 个(UDP98-021),平均每个位点等位基因数为 15.96 个;27 个 SSR 位点多态性信息含量(PIC)为 0.48~0.92,均值为 0.84,说明新疆野杏遗传多样性丰富,个体间遗传变异较大。各群体

遗传多样性分析结果(表 3)可知,在物种水平,平均等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、期望杂合度(H_e)、观察杂合度(H_o)和 Shannon's 信息指数(I)分别为 10.98、5.85、0.79、0.55 和 1.92。在群体水平上,新源县遗传多样性最高($N_e=6.38$, $H_e=0.82$, $I=1.97$),巩留县最低($N_e=5.55$, $H_e=0.75$, $I=1.89$)。

2.2 群体遗传分化

F 统计结果显示,新疆野杏在不同 SSR 位点的遗传分化系数(F_{st})存在差异(表 2),遗传分化系数范围为 0.03~0.10,均值为 0.05,说明 5% 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;分子方差分析结果表明(表 4),新疆野杏遗传变异主要存在于群体内(95.4%),而群体间的遗传变异仅占 4.6%。通过 Hardy-Weinbery 检测显示 4 个群体均处于平衡状态(表 3),表明新疆野杏群体受人类活动和环境变化的影响较小。近交系数是评价群体偏离哈迪-温伯格平衡的程度,通过对新疆野杏近亲繁殖检测可知(表 3),4 个群体近交系数(F)均大于 0(0.28~0.38),平均为 0.31,表明新疆野杏群体均表现杂合子不足,群体内近亲繁殖比较多。群体总基因流(N_m)为 5.26,其中,巩留县与霍城县群体间遗传分化最大($F_{st}=0.06$),基因流最小($N_m=4.16$);新源县与伊宁县群体遗传分化最小($F_{st}=0.03$),基因流最大($N_m=15.69$);表明新疆野杏群体间遗传分化程度较低,群体间存在频繁的基因交流。

2.3 群体遗传关系

根据 Nei's 遗传距离(D)和遗传相似度(I)(表 5)可知,新疆 4 个野杏群体遗传距离为 0.06~0.49,平均值为 0.24,遗传相似度为 0.61~0.94,平均值为 0.80,表明新疆野杏群体间亲缘关系较近,其中新源县与伊宁县群体遗传距离最小,遗传相似度最大;霍城县与巩留县群体遗传距离最大,遗传相似度最小;依据遗传相似系数构建的 UPGMA 聚类

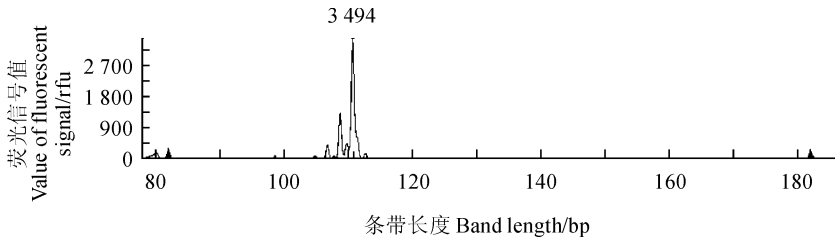


图 1 样品 277(新源县)在 MA007a 处扩增的毛细管电泳检测

Fig.1 Capillary electropherogram obtained by MA007a of 277 (Xinyuanxian)

表 2 27 个 SSR 位点的遗传分析结果
Table 2 Genetic analysis of twenty-seven SSR loci

位点 Locus	N_a	I	H_o	H_e	F_{is}	F_{it}	F_{st}	N_m	PIC
UDP98-409 ^[13]	20.00	2.70	0.38	0.87	0.60	0.62	0.05	4.34	0.92
UDP96-003 ^[13]	18.00	2.62	0.84	0.87	0.03	0.06	0.03	7.57	0.92
UDP97-401 ^[13]	11.00	2.02	0.49	0.78	0.35	0.38	0.05	4.69	0.84
UDP97-402 ^[13]	16.00	2.10	0.46	0.76	0.37	0.41	0.06	3.97	0.83
UDP98-406 ^[13]	20.00	2.62	0.85	0.87	0.06	0.09	0.03	8.66	0.91
UDP98-021 ^[13]	27.00	2.30	0.40	0.73	0.76	0.77	0.05	4.90	0.77
UDP98-412 ^[13]	10.00	1.40	0.32	0.62	0.41	0.44	0.05	4.55	0.67
BPPCT002 ^[16]	16.00	2.25	0.56	0.76	0.16	0.21	0.07	3.58	0.86
BPPCT004 ^[16]	19.00	2.56	0.76	0.85	0.09	0.13	0.05	4.79	0.90
BPPCT007 ^[16]	18.00	2.53	0.81	0.85	0.03	0.07	0.04	5.50	0.90
BPPCT008 ^[16]	16.00	2.43	0.74	0.87	0.20	0.22	0.03	9.66	0.89
BPPCT023 ^[16]	12.00	2.26	0.45	0.83	0.56	0.60	0.10	2.30	0.88
Pchgms3 ^[17]	11.00	1.16	0.10	0.43	0.28	0.32	0.06	3.74	0.48
Pchgms4 ^[17]	15.00	2.09	0.69	0.78	0.34	0.38	0.05	4.52	0.82
Pchgms5 ^[17]	14.00	2.29	0.59	0.81	0.49	0.52	0.05	4.56	0.88
pchgms12 ^[17]	18.00	2.47	0.48	0.79	0.32	0.36	0.05	4.50	0.88
aprigms18 ^[18]	17.00	2.31	0.53	0.82	0.29	0.32	0.04	5.37	0.88
aprigms24 ^[18]	21.00	2.57	0.58	0.83	0.81	0.81	0.03	7.13	0.90
MA007A ^[19]	20.00	2.39	0.53	0.77	0.22	0.24	0.03	8.25	0.87
MA020A ^[19]	9.00	1.54	0.31	0.69	0.19	0.22	0.04	5.67	0.75
MA039A ^[19]	14.00	1.80	0.10	0.71	0.29	0.33	0.06	4.29	0.76
M6a ^[19]	12.00	1.77	0.45	0.69	0.47	0.51	0.08	2.77	0.75
PMS2 ^[20]	20.00	2.48	0.70	0.81	0.33	0.37	0.06	3.74	0.88
PMS67 ^[20]	15.00	2.48	0.72	0.86	0.38	0.43	0.08	2.90	0.90
ASSR71 ^[21]	11.00	1.82	0.61	0.68	0.12	0.17	0.05	4.38	0.80
ASSR72 ^[21]	11.00	2.02	0.60	0.79	0.29	0.32	0.04	6.06	0.83
PCEGA25 ^[21]	20.00	2.64	0.81	0.87	0.07	0.09	0.03	9.55	0.91
均值/Mean	15.96	2.21	0.55	0.78	0.31	0.35	0.05	5.26	0.84

注： N_a . 等位基因； I . Shannon's 信息指数； H_o . 观察杂合度； H_e . 期望杂合度； F_{is} . 居群内繁育系数； F_{it} . 总居群内繁育系数； F_{st} . 遗传分化系数； N_m . 基因流； PIC . 多样性信息指数

Note: N_a . Number of alleles; I . Shannon's Information Index; H_o . Observed heterozygosity; H_e . Expected heterozygosity; F_{is} . Inbreeding coefficient at the population level; F_{it} . Inbreeding coefficient at the total sample level; F_{st} . Proportion of differentiation among populations; N_m . Gene flow; PIC . Polymorphism information content

表 3 新疆野杏群体遗传多样性
Table 3 Genetic diversity of wild apricot populations in Xinjiang

群体 Population	N_a	N_e	I	H_o	H_e	F	HWE
新源县 Xinyuanxian	11.89	6.38	1.97	0.57	0.82	0.30	0.21
霍城县 Huochengxian	10.56	5.81	1.90	0.59	0.78	0.28	0.36
伊宁县 Yiningxian	10.81	5.67	1.91	0.57	0.79	0.30	0.25
巩留县 Gongliuxian	10.67	5.55	1.89	0.50	0.75	0.38	0.16
均值 Mean	10.98	5.85	1.92	0.55	0.79	0.31	0.25

注： N_e . 有效等位基因数； F . 近交系数； HWE . 哈代-温伯格平衡
Note: N_e . Effective number of alleles; F . Inbreeding coefficient; HWE . Hardy-Weinberg equilibrium

表 4 27 个 SSR 位点分子方差分析				
Table 4 Analysis of molecular variance (AMOVA) average across 27 SSR loci				
变异来源 Source of variation	自由度 <i>d. f.</i>	离差平方和 Sum of squares	方差分量 Variance components	分量比例 Percentage of variation/%
群体间 Among populations	4	133. 876	0. 514	4. 6
群体内 Within population	75	2 509. 306	10. 875	95. 4
总 Total	79	2 643. 182	11. 389	

表 5 群体间遗传相似度(对角线上方)和遗传距离(对角线下方)				
Table 5 Genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) among populations				
群体 Population	新源县 Xinyuanxian	霍城县 Huochengxian	伊宁县 Yiningxina	巩留县 Gongliuxian
新源县 Xinyuanxian		0. 88	0. 94	0. 70
霍城县 Huochengxian	0. 13		0. 88	0. 61
伊宁县 Yiningxina	0. 06	0. 21		0. 80
巩留县 Gongliuxian	0. 35	0. 49	0. 22	

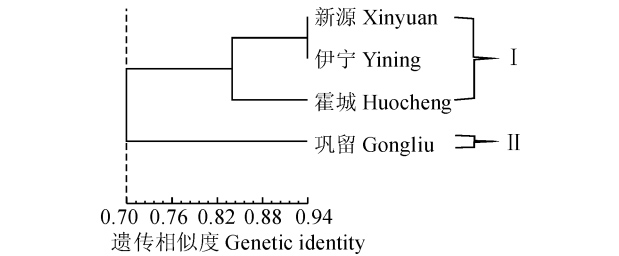


图 2 遗传相似度 UPGMA 聚类分析

Fig. 2 UPGMA dendrogram based on genetic identity

分析(图 2),在相似系数 0. 70 位置,可将供试群体划分为 2 组,其中新源县、伊宁县和霍城县群体聚为一组,而巩留县群体单独分为一组。通过 Mantel 检测结果可知,遗传距离与地理距离无显著相关($r=0. 332, P=0. 16$)。

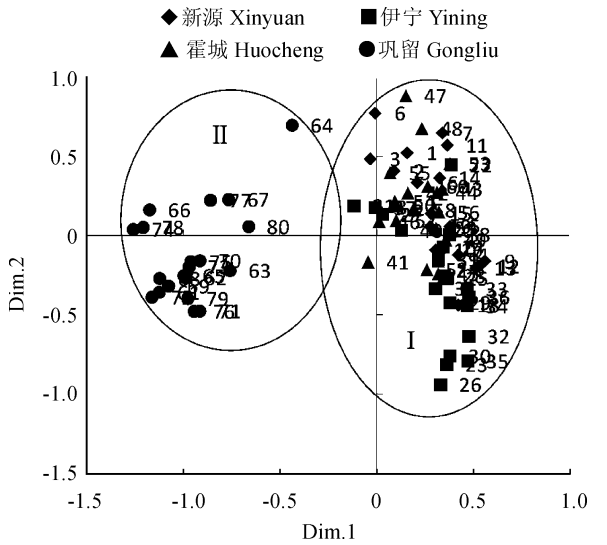


图 3 杏群体主坐标分析

Fig. 3 Principal coordinates analysis of apricot populations

有效等位基因数(N_e)、期望杂合度(H_e)和 Shannon's 信息指数(I)分别为 5. 85、0. 79 和 1. 92, 高于章秋平等^[23]利用 SSR 标记对华北生态区普通杏研究结果($H_e=0. 67, I=1. 44$)和何天明等^[2]利用 SSR 标记对新疆普通杏研究结果($H_e=0. 29, I=0. 43$),表明新疆野杏具有丰富的遗传多样性,与刘娟等^[4-5]研究结果相一致;与其它野生资源相比,如王滑等^[24]利用 SSR 对中国天然核桃(*Juglans regia* Linn.)研究($N_e=2. 81, H_e=0. 61$),新疆野杏仍表现出较高的遗传多样性。这可能与居群的大小相关,新疆野杏在伊犁分布广泛,常与野苹果成混交林,居群面积较大。此外,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。因

3 讨论

3.1 群体遗传多样性

遗传多样性是物种所携带遗传信息的总和,遗传多样性高的物种,可更好地适应环境;相反,则更容易受到环境影响^[22]。新疆野杏作为世界栽培杏原始种,具有极高的营养价值、药用价值和观赏价值。本研究基于 27 对 SSR 分子标记,对新疆 4 个野杏群体进行遗传多样性分析,共检测到 431 个等位基因,平均每位点 15. 96 个。4 个野杏群体平均

此,居群面积大以及悠久的演化历史是新疆野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

遗传分化是由于遗传漂变和基因流隔离引起的基因频率和杂合性的变化。根据 Wright^[25] 提出的遗传分化系数(F_{st})小于 0.25,表明群体遗传分化较低,本研究 F 统计($F_{st}=0.05$)和方差分析($F_{st}=0.046$)结果显示,新疆野杏群体间遗传分化程度较低,遗传变异主要来自于群体内(95.4%)。刘娟等^[4]利用 ISSR 标记研究指出新疆野杏群体遗传分化程度较低($F_{st}=0.14$),Wang 等^[26]研究表明中国野山杏群体遗传分化程度较低(0.06),均与本研究结果相吻合。

基因流是揭示物种间的基因渗透以及遗传分化的重要指标,其强弱对群体遗传分化具有重要影响,基因流大于 1 时能有效阻止遗传漂变引起的遗传分化,反则,难以抵制群体内遗传漂变引起的遗传分化^[25]。新疆野杏分布连续,生境片段化不严重,其基因流主要通过虫媒传花粉、人类及野生动物对野杏种子的取食和储藏等扩散方式来完成^[27]。本研究中新疆野杏群体总基因流为 5.26,表明新疆野杏群体间存在频繁的基因交流,有效削弱了遗传漂变引起的遗传分化;同时,新疆野杏群体存在杂合子缺失现象,这可能与新疆野杏较高的近交率($F=0.31$)相关;说明新疆野杏受环境影响,群体可能正经历着遗传多样性的丧失,今后需要加大样品进一步深入研究和实验验证。

UPGMA 聚类分析和主坐标分析均将 4 个野杏群体划分为 2 组,与 Mantel 检测结果一致,即新疆野杏群体遗传距离与地理距离无显著相关($r=0.332,P=0.16$)。刘娟等^[4-5]通过对新疆野杏群体

研究,指出新源县和霍城县群体亲缘关系较近,而巩留县群体与上述两个群体亲缘关系较远;本研究将巩留县群体单独分为一组,与其它 3 个群体遗传关系较远,具有明显的特异性,而新源县、霍城县和伊宁县 3 个群体遗传多样性相对较高,亲缘关系较近,结合主坐标分析可知,此 3 个群体间存在明显遗传混杂,但与巩留县具有明显的分化。巩留县位于新疆西北部,被伊什格力克和那拉提山包围,阻碍了巩留县野杏与外界的基因交流(巩留县群体与新源县、霍城县和伊宁县的平均基因流为 4.85),从而表现较低的遗传多样性和独特的地理区域特征;然而新源县、霍城和伊宁县 3 个群体生境连续相连,基因交流较容易(新源县、霍城县和伊宁县 3 个群体的平均基因流为 11.30),从而表现较高的遗传多样性和较近的遗传关系。综上可知,群体间频繁的基因流是影响新疆野杏群体遗传特征的主要因素。

综上所述,基于 27 对 SSR 引物对新疆野杏群体遗传特征研究结果显示,新疆野杏具有丰富的遗传多样性,与新疆野杏居群面积大和悠久的演化历史相关。新疆野杏遗传变异主要来自群体内部,而群体间遗传分化程度较低,这与新疆野杏生境分布连续、自身生物学特征、人类及野生动物对野杏种子的储藏等因素共同作用下的群体间较高的基因流相关。遗传关系分析显示,新疆野杏群体间遗传距离较近,遗传相似度较高。因此,应重点保护遗传多样性高的群体,如新源县群体,同时也要加强保护一些特异群体,避免一些特殊基因消失,如巩留县群体。在确定新疆野杏的地理分布、群体特点和生态学特性的基础上,构建新疆野杏保护区,科学保护和利用新疆野杏资源,对培育或改良新杏品种具有重要意义。

参考文献:

[1] 俞德俊. 落叶果树分类学[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1984.

[2] 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.

[3] 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.

[4] 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.

[5] 刘娟, 廖康, 刘欢, 等. 新疆野杏种质资源表型性状多样性研究[J]. 西北植物学报, 2015, 35(5): 1 021-1 030.

LIU J, LIAO K, LIU H, et al. Phenotypic diversity of wild apricot germplasm resources in Xinjiang[J]. Acta Botanica Borali-Occidentalia, 2015, 35(5): 1 021-1 030.

[6] 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(+): 119-126.

- SHENG Y, ZHENG W H, PEI K Q, *et al.* Applications of Microsatellites in population biology[J]. *Acta Phytoecologica Sinica*, 2002, **26**(+): 119-126.
- [7] 曹玉芬, 刘凤之, 高 源, 等. 梨栽培品种 SSR 鉴定及遗传多样性[J]. 园艺学报, 2007, **34**(2): 305-310.
- CAO Y F, LIU F Z, GAO Y, *et al.* SSR analysis of genetic diversity of pear cultivars [J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2007, **34**(2): 305-310.
- [8] 王爱德, 李天忠, 许雪峰, 等. 苹果品种的 SSR 分析[J]. 园艺学报, 2005, **32**(5): 875-877.
- WANG A D, LI T Z, XU X F, *et al.* SSR analysis for apple cultivars [J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2005, **32**(5): 875-877.
- [9] HORMAZA J I. Molecular characterization and similarity relationships among apricot (*Prunus armeniaca* L.) genotypes using simple sequence repeats[J]. *Theor. Appl. Genet.*, 2002, **104**(5): 321-328.
- [10] 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.
- [11] 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.
- [12] 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.
- [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] SOKAL R. Testing statistical significance of geographic variation patterns[J]. *Systematic Zoology*, 1979, **28**: 227-232.
- [15] ROHLF F J. NTSYS-P C; Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System Version 1.80 [M]. Setauket New York; Distribution by Exeter Soft Ware, 1994.
- [16] 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.
- [17] SOSINSKI B, GANNAVARAPU B, 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] 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.
- [20] CLAUDIO CANTINI, AMY F. IEZZONI, WARREN F, LAMBOY. DNA fingerprinting of tetraploid cherry germplasm using simple sequence repeats[J]. *JASHS*, 2001, **126**(2): 205-209.
- [21] XU Y, MA RC, 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.
- [22] 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.
- [23] 章秋平, 刘冬成, 刘威生, 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, LIU W S, *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.
- [24] 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.
- [25] WRIGHT S. The inter pretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating[J]. *Evolution*, 1956, **19**: 395-420.
- [26] ZHE WANG, MING KANG, HUABO LIU, *et al.* High-Level genetic diversity and complex population structure of siberian apricot (*Prunus sibirica* L.) in China as revealed by nuclear SSR markers[J]. *Plos One*, 2014, **9**(2): 1-13.
- [27] 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.

(编辑:宋亚珍)