

红松无性系遗传多样性分析及资源评价

闫平玉 张磊 张含国

(东北林业大学林木遗传育种全国重点实验室 黑龙江哈尔滨 150000)

摘要:【目的】为规范红松种子园的管理,促进优良无性系的推广与使用,实现红松经济效益;加快红松育种进程并为高世代种子园营建以及多世代改良提供理论依据和选育材料。【方法】基于我国东北地区 7 个种群的红松无性系,利用 SSR 分子标记技术进行遗传多样性、遗传结构分析并通过 UPGMA 进行聚类,解析各无性系种群间和种群内分化特征。【结果】11 个标记共检测到 77 个等位基因,平均每个标记可识别出 18 个基因型;不同位点的多态性信息含量(PIC)的范围为 0.155-0.855,11 个标记组合的 PI 和 PIsibs 分别为 3.1×10^{-8} 、 1.14×10^{-3} ;遗传分析表明红松无性系的遗传变异主要存在于种群内,占总变异的 98%;各群体间遗传分化水平较低,种群间平均基因流为 11.036;各种群遗传多样性水平存在差异,其中苇河种群遗传多样性较低,铁力种群较高;遗传结构分析中 161 个红松无性系被划分为 4 个或 7 个类群,7 个种群间没有明显的分化,仅 LSH 种群出现部分分化,红松种群遗传距离与其优树来源间的地理距离无明显相关性。【结论】11 个 SSR 引物对 7 个红松种群的进行的遗传分析揭示了各种群间以及种群内遗传多样性水平和遗传分化现状;聚类结果与种群多样性分析以及主坐标分析结果相吻合,表明各种群间遗传关系相近的同时,反映出不同种群内部的遗传分化程度。针对红松无性系种群的遗传特点,制定相应的育种策略,最大限度地提高红松种子园的育种潜力,为后续红松种质的开发及利用提供了科学依据。