

## 不同来源 SSR 引物对刺梨种群遗传差异性分析

刘粉粉<sup>1</sup>, 黄秦军<sup>1\*</sup>, 高铨铨<sup>1</sup>, 刘进<sup>2</sup>, 欧国腾<sup>2</sup>, 莫亮团<sup>2</sup>

(1.中国林业科学研究院林业研究所 北京 100091, 2.贵州省黔南州林业局 都匀 558099)

**摘 要:**研究刺梨 EST-SSR 与近缘物种萨蔓莎月季的 EST-SSR 对刺梨种群遗传分析产生的差异, 为刺梨遗传多样和遗传结构研究提供不同来源 SSR 标记位点。采用 6 对萨蔓莎月季 EST-SSR 引物和 6 对刺梨 EST-SSR 引物对 261 个野生刺梨样本进行基因分型, 利用 GenAlex 软件估算群体遗传多样性参数、遗传分化系数和基因流, 并进行 AMOVA 分子方差分析, 采用 SPSS Statistics 软件进行方差分析和相关性分析, NTSYS 软件计算遗传相似度并按照 UPGMA 方法进行聚类。12 对 SSR 引物共扩增出 95 条带, 其中萨蔓莎月季 SSR 引物扩增出 53 条带, 刺梨 SSR 引物扩增出 42 条带。基于萨蔓莎月季 SSR 引物估算出的平均期望等位基因数目、期望杂合度、多态性信息含量和香浓信息指数分别为 2.206、0.477、0.459 和 0.862, 比刺梨 SSR 引物估算出的相应指标分别低了 1.274、0.205、0.215 和 0.451。遗传分化结果显示, 基于月季 SSR 和刺梨 SSR 估算的遗传分化系数  $F_{ST}$  分别为 0.128 和 0.062, 均表明群体属于低等遗传分化水平。基于两种 SSR 标记的群体 AMOVA 分析结果基本相同, 遗传变异主要来源于群体内。遗传距离相关性结果显示, 两种来源的 SSR 得到的结果无显著相关性, 而聚类结果相似。萨蔓莎月季 SSR 与刺梨 SSR 在进行遗传多样性和遗传距离分析时存在一定的差异, 但差异并不显著; 遗传分化和 AMOVA 分析得到的结果极为相似, 表明近缘物种萨蔓莎月季的 SSR 在刺梨中通用性比较好, 为后续刺梨种质资源收集、品种鉴定和指纹图谱构建提供了标记位点, 为蔷薇科植物遗传多样性分析提供了新的思路。