网络出版时间:2026-01-09 DOI:10.13207/j.jnwafu.2026.07.018

基于SSR标记的荒漠锦鸡儿遗传多样性与环境适应性研究

姚宁[1],高建中[1],张静[1],马周娟[1],马飞[2],徐婷婷[1]
(1 宁夏大学 生命科学学院,宁夏 银川 750021;2 宁夏大学 生态环境学院,宁夏 银川 750021)

[摘 要] 【目的】基于简单重复序列(SSR)分子标记,系统解析荒漠锦鸡儿(*Caragana roborovskyi* Kom.)野生种群的遗传多样性特征和群体遗传结构模式,并探索其遗传多样性与环境因子的关联性,为荒漠锦鸡儿种质资源保护与利用提供参考。【方法】利用 SSR 分子标记技术,对采自我国新疆、甘肃、青海和宁夏4个地区的10个荒漠锦鸡儿野生种群的遗传多样性进行分析,通过计算遗传多样性参数和进行群体遗传分化分析、遗传结构分析、主成分分析(PCA)、聚类分析及Mantel检验,解析荒漠锦鸡儿种群遗传结构与地理分布的相关性;并通过与环境因子的关联分析,识别影响其遗传多样性的关键环境因素。【结果】荒漠锦鸡儿野生种群具有较高的遗传多样性,且遗传变异主要发生在种群内部,种群间基因交流频繁(Nm=3.732 0)。PCA分析和遗传结构分析结果表明,10个荒漠锦鸡儿种群划分为2个类群;但NJ聚类结果显示,遗传距离与地理分布无相关性;Mantel检验证实遗传距离矩阵与地理距离矩阵无显著相关性。关联分析结果表明,纬度、平均气温日较差和降水量季节性变化是影响荒漠锦鸡儿遗传多样性的主要环境因素,温度波动和降水模式可能是塑造其遗传多样性空间分布的关键驱动力。【结论】建立了荒漠锦鸡儿野生种群遗传背景与环境适应机制的联系框架,证实了干旱生境物种通过种群内遗传变异和频繁基因交流维持遗传多样性的特殊策略,为基于遗传信息的种质资源保护与管理方案制定提供了科学依据。

[关键词] 荒漠锦鸡儿;SSR标记;遗传多样性;遗传结构;环境适应
[中图分类号] Q948.11 [文献标志码] A [文章编号] 1671-9387(2026)07-0170-11

Genetic diversity and environmental adaptation of *Caragana roborovskyi* Kom. revealed by SSR markers

YAO Ning[1], GAO Jianzhong[1], ZHANG Jing[1], MA Zhoujuan[1], MA Fei[2], XU Tingting[1]
(1 *School of Life Sciences, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia* 750021, *China*;
2 *School of Ecology and Environment, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia* 750021, *China*)

Abstract: 【Objective】 Based on simple sequence repeat (SSR) molecular markers, this study comprehensively analyzes the genetic diversity and population genetic structure of wild *Caragana roborovskyi* Kom. populations. It further explores the association between genetic diversity and environmental factors, aiming to provide a scientific basis for the conservation and utilization of *C. roborovskyi* germplasm resources. 【Method】 Using SSR molecular marker technology, the genetic diversity of 10 wild populations of *C. roborovskyi* from four regions in China (Xinjiang, Gansu, Qinghai, and Ningxia) was analyzed. By calculating genetic diversity parameters, and conducting population genetic differentiation analysis, genetic structure analysis, principal component analysis (PCA), cluster analysis, and Mantel test, the correlation between the population genetic structure and

[收稿日期] 2025-04-25 [修回日期] 2025-06-23
[基金项目] 宁夏回族自治区自然科学基金资助项目(2024AAC03103);国家自然科学基金项目(31760056)
[作者简介] 姚宁(1995—),男(回族),宁夏银川人,在读博士,主要从事植物生物学研究。E-mail:yaon0485@163.com
[通信作者] 徐婷婷(1982—),女,宁夏银川人,副教授,博士,硕士生导师,主要从事植物生态学研究。E-mail:xutt@nxu.edu.cn

geographic distribution of *C. roborovskyi* was resolved. Additionally, correlation analysis in combination with environmental factors was conducted to identify the key environmental factors affecting its genetic diversity.【Result】The wild populations of *C. roborovskyi* exhibited high genetic diversity, with genetic variation primarily occurring within populations and frequent gene flow among populations (Nm=3.732 0). PCA and genetic structure analysis showed that the 10 *C. roborovskyi* populations could be divided into two groups, while NJ clustering analysis indicated no correlation between genetic distance and geographic distribution. The Mantel test confirmed that there was no significant correlation between the genetic distance matrix and geographic distance matrix. Correlation analysis revealed that latitude, mean daily temperature range, and seasonal variation in precipitation were the main environmental factors affecting genetic diversity, suggesting that temperature fluctuations and precipitation patterns may be key drivers for shaping the spatial distribution of its genetic diversity.【Conclusion】This study firstly establishes a linkage framework between the genetic background of wild populations of *C. roborovskyi* and their environmental adaptation mechanisms. It is confirmed that species in arid habitats maintain genetic diversity through intra-population genetic variation and frequent gene flow, which provides a scientific basis for formulating germplasm resource protection and management plans based on genetic information.

Key words: *Caragana roborovskyi*; SSR markers; genetic diversity; genetic structure; environmental adaptation

锦鸡儿属（*Caragana*）在分类学上是一个极具挑战性的类群，包含100多种植物，广泛分布于欧亚大陆的温带荒漠、半荒漠及亚热带高寒山区[1]。锦鸡儿属大多数种均具有很高的药用价值，据《中华本草》记载，锦鸡儿属药用植物一般以根或花入药。其根味甘微苦，具有活血、清肺益脾功效，主治妇科疾患、高血压病等；其花称为金雀花，可滋阴活血、祛风止咳，主治跌打损伤、肺虚久咳等疾病[2]。荒漠锦鸡儿（*Caragana roborovskyi*）是极端干旱环境的典型代表类群，别名猫耳锦鸡儿、洛氏锦鸡儿等，具有发达的深根系和强抗逆性，被归类为超旱生小灌木，对极端干旱和贫瘠土壤具有特殊适应性。荒漠锦鸡儿自然种群集中分布于我国西北干旱区的荒漠及半荒漠地带，垂直分布海拔为1 300～2 400 m，是该区域典型的荒漠生态系统建群种[3]。在民族地区，通常将荒漠锦鸡儿作为一种重要的蒙药资源，多用于治疗头晕眩晕、高血压以及咽喉肿痛等症[4]。同时荒漠锦鸡儿营养价值丰富，蛋白质含量较高且适口性好，具有很高的饲用价值，是西北干旱地区优质的饲料植物[5]。然而，由于过度放牧、人为砍伐及栖息地荒漠化程度加剧，荒漠锦鸡儿野生种质资源破坏严重，自然种群数量不断减少。

丰富的种质资源遗传多样性是植物保护和开发利用的重要基础。目前，多种分子标记技术的发展为植物种质资源遗传多样性分析提供了新的方法和手段[6]。其中，简单重复序列（simple sequence repeat，SSR）分子标记技术以其具有丰富的位点变异、共显性标记和检测手段简单等优点被广泛用于动植物遗传多样性研究[7-8]。应用SSR分子标记技术对杂草稻[9]、橄榄[10]、鸭茅[11]等物种进行遗传多样性研究，结果显示杂草稻、橄榄和鸭茅均具有相对丰富的遗传多样性。表明SSR分子标记多态性丰富，可应用于不同植物物种的遗传多样性研究。众多关于锦鸡儿属植物的遗传多样性研究均应用了SSR分子标记技术，譬如李晓敏[12]对内蒙古高原小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和柠条锦鸡儿的遗传多样性进行SSR分析，发现3种锦鸡儿植物具有丰富的遗传多样性，且其遗传多样性和遗传变异程度受环境因子的影响；郭强等[13]利用SSR标记技术，发现甘肃河西走廊地区14种锦鸡儿具有丰富的遗传多样性和不同程度的遗传差异。

目前，有关荒漠锦鸡儿的基础研究十分欠缺，各地野生种群的遗传多样性尚不清楚，其种质资源现状、资源蕴藏量等也都知之甚少。因此，本研究利用SSR标记技术对采自我国新疆、甘肃、青海和宁夏地区的10个荒漠锦鸡儿野生种群的遗传多样性及群体遗传结构进行分析，揭示荒漠锦鸡儿野生种群在DNA水平上的遗传差异及进化潜力，全面了解荒漠锦鸡儿野生种群的种质资源现状，为荒漠锦鸡儿遗传多样性研究及种质资源利用与保护提供参考。

1 材料与方法

1.1 荒漠锦鸡儿样品采集及DNA提取

以中国各大标本馆的标本记录和各类调查研究结果以及地方植物志为依据,详细记录荒漠锦鸡儿的自然分布地。从新疆、甘肃、青海和宁夏4个地区采集10个荒漠锦鸡儿自然种群,具体采集信息详见表1。为保证采样具有代表性,每个群体随机收集10个相距20 m以上个体的新鲜叶片作为样品,用硅胶快速干燥后装袋。经液氮环境下进行低温破碎后,精确称量20 mg植物组织粉末移入灭菌离心管,采用改良型CTAB裂解体系完成细胞裂解与核酸分离[14]。通过1.0%琼脂糖凝胶电泳检测以验证DNA分子完整性,配合NANODROP 2000仪器开展双通道定量分析。经标准化处理将DNA工作液浓度统一调整为100 ng/μL,分装后于-20 ℃储存备用。

表1 荒漠锦鸡儿样品采集信息

Table 1 Sample collection information of *Caragana roborovskyi*

采样地 Sampling site	居群编号 Population code	经纬度 Latitude and longitude	海拔/m Altitude	个体数 Individual number
新疆乌鲁木齐 Urumqi,Xinjiang	WLMQ	88.08°E,43.71°N	3 342	10
甘肃会宁 Huining,Gansu Province	HN	104.82°E,35.98°N	1 819	10
甘肃永登 Yongdeng,Gansu Province	YD	103.16°E,36.90°N	2 341	10
甘肃张掖 Zhangye,Gansu Province	ZY	100.69°E,38.78°N	2 137	10
青海共和 Gonghe,Qinghai Province	GH	100.58°E,36.24°N	2 838	10
青海兴海 Xinghai,Qinghai Province	XH	100.10°E,35.51°N	2 827	10
青海尖扎 Jianzha,Qinghai Province	JZ	102.05°E,35.94°N	2 077	10
青海民和 Minhe,Qinghai Province	MH	104.82°E,35.98°N	1 985	10
宁夏贺兰山 Helan Mountain,Ningxia	HLM	105.77°E,38.85°N	1 818	10
宁夏兴仁 Xingren,Ningxia	XR	105.23°E,37.40°N	1 400	10

1.2 PCR扩增与遗传多样性检测

从宁夏大学生命科学学院植物学创新实验室前期筛选的荒漠锦鸡儿SSR引物中,选择具有清晰、稳定多态性扩增条带且重复性好的14对引物(详见表2)进行PCR扩增。PCR扩增反应体系(20 μL):15 ng/μL DNA模板3 μL,50 μmol/L正反向引物各1.2 μL,2×*Taq* Mix 6 μL,用ddH_2O补至20 μL。PCR扩增程序:95 ℃预变性6 min;94 ℃变性45 s,退火温度下退火45 s,72 ℃延伸1 min,34个循环;72 ℃延伸10 min,4 ℃保存备用。将PCR扩增产物在8%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳中检测,经180 V恒压电泳1 h后,用硝酸银染色法(0.2% $AgNO_3$ 100 mL,避光摇10~20 min)染色,进行观察并拍照。

表2 本研究所用14对引物的多态性信息

Table 2 Polymorphic information of 14 primer pairs in this study

引物名称 Primer name	引物序列(5′→3′) Primer sequence (5′→3′)	观测杂合度 Observed heterozygosity	期望杂合度 Expected heterozygosity	多态信息含量 Polymorphic information content
C.r-5	F:TGCATAAACTGGTTAGGGAGG R:CTAAAAGGGTATGCAGCGTG	0.20	0.68	0.61
C.r-9	F:AATTTTCAGGATGCAGAAGAGC R:CTTCTCGTACTACTACTACTCG	0.75	0.71	0.64
C.r-15	F:GAAAACAAAATGCAAGCAGTGAG R:CGGTTTTAACTTCGATTGGGAC	0.80	0.79	0.73
C.r-16	F:GTGGTAGCGGTATTTTTGGC R:CGTTTATATGCGGTAGTACACG	0.65	0.72	0.65
C.r-17	F:GAGCTATGTAATGTTGACAACCG R:GCTGGCATATTTGTGTGTGTG	0.75	0.74	0.67
C.r-22	F:TTATTGAAAGTTGGAACCTGCTG R:CGACCGAGGATTGTTTTACG	0.80	0.75	0.69
C.r-29	F:CTGATTGTGATGGTGAATGGGG R:CCTCACTGTTTGTCTTGCATTGC	0.95	0.75	0.69
C.r-31	F:TGAAGGAAATCGAGTGAGAGTTG R:CGAAAAACTGTAGAAATGGGAGC	0.40	0.68	0.61

表 2（续）　Table 2(continued)

引物名称 Primer name	引物序列(5′→3′) Primer sequence (5′→3′)	观测杂合度 Observed heterozygosity	期望杂合度 Expected heterozygosity	多态信息含量 Polymorphic information content
C. r-38	F:GAAAGAGAGAGAAGGAGAGTGTG R:CCTCTCACACTACTAGTTATGGG	0.75	0.72	0.65
C. r-40	F:CTGTTTGTGTGAATGAGTGTGTC R:CCCAAAACAGATCTTACCACGG	0.95	0.82	0.76
C. r-41	F:CAGCTTTGAACTGATATTGCTGC R:CGAACTTCATTGACACCGTG	1.00	0.75	0.69
C. r-43	F:CCCCTTGGAGCTGGTGAG R:CGGGTGATTAGTGTTCAGATGG	1.00	0.79	0.74
C. r-45	F:GAACATCAATAACACAAGCCACC R:GTAAAATATCGCGCAGTGGTG	1.00	0.80	0.76
C. r-50	F:TGGATTGTGCAGCTCTTCAC R:CGAGAAGTGAGTAGGGTTTTG	1.00	0.81	0.75

1.3　数据统计与分析

统计扩增条带，根据相同迁移率条带的有无，选择清晰、可辨认的条带记为“1”，无、不清晰或模糊的条带记为“0”，构建0/1二元矩阵[15]。通过POPGENE 1.32软件[16]统计扩增产物的各项遗传参数；采用STRUCTURE 2.3.4软件[17]对荒漠锦鸡儿种群的遗传结构进行分析；运用MVSP 3.22软件[18]对荒漠锦鸡儿种群进行主成分分析（PCA）；利用MAGE 7.0软件[19]，基于遗传距离采用邻接法（NJ）对荒漠锦鸡儿种群进行聚类分析，并构建系统发育树；使用GenAlEx 6.5软件[20]基于Nei's遗传距离和荒漠锦鸡儿材料的地理距离进行Mantel相关性检测[21]；使用ARLEQUIN软件中的AMOVA分析检测荒漠锦鸡儿种群的遗传变异及分化[22]。从WORLDCLIM气候数据库（http://www.worldclim.org）获取19个环境因子变量，并通过Excel软件进行相关统计处理，利用ArcGIS 10.2软件提取新疆、甘肃、青海和宁夏地区的19个环境气候因子包括年平均气温、年降水量、月平均降水量、月平均最高气温及月平均最低气温等气候指标数据，此外选取经纬度和海拔数据作为地形因子。利用SPSS 23.0对荒漠锦鸡儿遗传多样性各指数与22个气象因子进行Pearson相关性分析。

2　结果与分析

2.1　荒漠锦鸡儿的遗传多样性分析

采用8%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳对荒漠锦鸡儿10个自然种群的遗传多样性进行分析，结果（表3）表明，通过SSR分子标记共检测到2 124个多态性位点，各种群检测到多态性位点数为202～220个，平均每个种群检测到212.4个多态性位点，物种水平的多态性位点占比达到94.82%，表明荒漠锦鸡儿具有高度遗传多态性。遗传多样性分析结果（表3）显示，观测等位基因数为1.901 8～1.982 1，平均为1.948 2；有效等位基因数为1.618 6～1.699 1，平均为1.668 2。

表 3　基于SSR标记的10个荒漠锦鸡儿居群的遗传多样性参数

Table 3　Genetic diversity parameters of 10 *Caragana roborovskyi* populations based on SSR markers

居群编号 Population code	观测等位基因数 Observed number of alleles	有效等位基因数 Effective number of alleles	Nei's基因多样性指数 Nei's gene diversity index	Shannon指数 Shannon index	多态性位点数 Number of polymorphic sites	多态性位点占比/% Percentage of polymorphic sites
WLMQ	1.982 1	1.650 8	0.376 4	0.555 5	220	98.21
HN	1.982 1	1.675 5	0.385 3	0.565 3	220	98.21
YD	1.964 3	1.656 9	0.372 2	0.546 5	216	96.43
ZY	1.901 8	1.618 6	0.351 6	0.515 9	202	90.18
GH	1.924 1	1.693 1	0.384 6	0.556 7	207	92.41
XH	1.901 8	1.640 0	0.360 1	0.525 6	202	90.18
JZ	1.959 8	1.687 9	0.388 0	0.565 6	215	95.98
MH	1.950 9	1.686 5	0.386 4	0.562 5	213	95.09
HLN	1.982 1	1.673 9	0.384 7	0.564 4	220	98.21
XR	1.933 0	1.699 1	0.388 4	0.562 1	209	93.30
平均 Average	1.948 2	1.668 2	0.377 8	0.552 0	212.4	94.82

观测等位基因数和有效等位基因数的变化发现,荒漠锦鸡儿种群间存在等位基因差异,但遗传差异较小。此外,Nei's基因多样性指数为0.351 6~0.388 4,平均为0.377 8;Shannon指数为0.515 9~0.565 6,平均为0.552 0。上述结果表明,不同荒漠锦鸡儿种群之间存在一定程度的遗传变异,且具有较为丰富的遗传多样性。

2.2 荒漠锦鸡儿的群体遗传分化分析

基于POPGENE 1.32的遗传结构分析显示,荒漠锦鸡儿10个自然种群的总基因多样性(Ht)为0.428 4,其中种群内基因多样性(Hs)为0.377 8;遗传分化系数(Gst)为0.118 1,表明11.81%的遗传变异存在于10个荒漠锦鸡儿种群间,而88.19%的遗传变异分布在荒漠锦鸡儿种群内部,揭示该物种的遗传变异主要来源于种群内部分化。基因流强度(Nm=3.732 0)显著高于阈值(Nm>1),表明10个荒漠锦鸡儿种群间存在持续的基因交流。

荒漠锦鸡儿种群间的遗传相似性系数和遗传距离分析结果(表4)显示,种群间遗传相似系数为0.882 8~0.982 4(遗传距离为0.017 7~0.124 6)。具体而言,WLMQ与HN种群表现出最小的遗传距离(0.017 7)和最高的遗传相似性(0.982 4),表明WLMQ与HN种群具有密切的亲缘关系;而XH与HN种群间表现出最大的遗传距离(0.124 6)和最低的遗传相似性(0.882 8),表明这两个种群间的亲缘关系较远。

10个荒漠锦鸡儿种群的群体遗传分化结果(表5)表明,XH-YD(F_{st}=0.114)和JZ-ZY(F_{st}=0.115)种群对呈现较高的遗传分化水平,其次为XH-JZ(F_{st}=0.113),WLMQ-XR(F_{st}=0.020)、XR-HN(F_{st}=0.023)及WLMQ-HLM(F_{st}=0.027)等种群对的遗传分化程度相对较低。分子方差分析(AMOVA)结果进一步证实,90.60%的遗传变异来源于荒漠锦鸡儿种群内部,仅有9.40%的遗传变异存在于荒漠锦鸡儿种群间,该结果与POPGENE的遗传分化指数(F_{st}=0.094 0)高度吻合。根据Wright的遗传分化分级标准(F_{st}<0.05为低分化),荒漠锦鸡儿种群间遗传分化整体处于低水平。

表4 10个荒漠锦鸡儿种群间的遗传相似性系数和遗传距离

Table 4 Genetic similarity coefficients and genetic distance among 10 *Caragana roborovskyi* populations

居群编号 Population code	WLMQ	HN	YD	ZY	GH	XH	JZ	MH	HLM	XR
WLMQ		0.982 4	0.962 9	0.885 2	0.903 9	0.896 0	0.924 2	0.930 0	0.956 8	0.924 9
HN	0.017 7		0.965 7	0.891 3	0.899 7	0.882 8	0.916 6	0.926 7	0.953 6	0.922 6
YD	0.037 8	0.034 9		0.919 3	0.926 2	0.919 0	0.943 2	0.940 5	0.972 4	0.957 9
ZY	0.121 9	0.115 1	0.084 1		0.974 5	0.954 8	0.952 2	0.968 8	0.921 3	0.923 6
GH	0.101 1	0.105 7	0.076 7	0.025 8		0.971 6	0.962 0	0.980 5	0.928 7	0.923 7
XH	0.109 8	0.124 6	0.084 5	0.046 2	0.028 8		0.976 4	0.966 7	0.934 1	0.921 4
JZ	0.078 8	0.087 1	0.058 5	0.048 9	0.038 8	0.023 9		0.978 6	0.962 1	0.938 9
MH	0.072 6	0.076 2	0.061 4	0.031 7	0.019 7	0.033 9	0.021 7		0.959 2	0.935 3
HLM	0.044 1	0.047 5	0.028 0	0.082 0	0.074 0	0.068 1	0.038 6	0.041 6		0.954 3
XR	0.078 1	0.080 6	0.043 0	0.079 5	0.079 4	0.081 9	0.063 1	0.066 9	0.046 8	

注:表右上角为10个荒漠锦鸡儿种群间的遗传相似性系数,左下角为遗传距离。

Note: The upper-right corner of the matrix shows the genetic similarity coefficients among the 10 *Caragana roborovskyi* populations, while the lower-left corner displays the genetic distances.

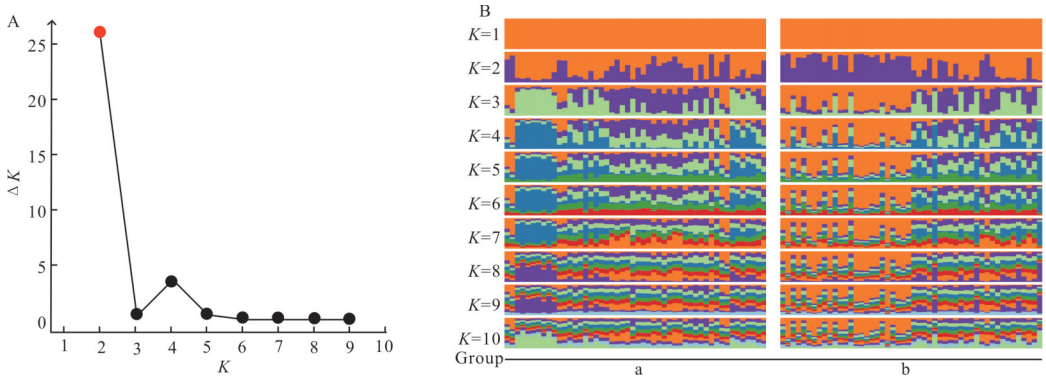
表5 10个荒漠锦鸡儿种群间的遗传分化指数

Table 5 Genetic differentiation index among 10 *Caragana roborovskyi* populations

居群编号 Population code	WLMQ	HN	YD	ZY	GH	XH	JZ	MH	HLM	XR
WLMQ	0									
HN	0.030	0								
YD	0.041	0.033	0							
ZY	0.086	0.082	0.095	0						
GH	0.033	0.038	0.053	0.089	0					
XH	0.092	0.090	0.114	0.099	0.083	0				
JZ	0.067	0.067	0.070	0.115	0.068	0.113	0			
MH	0.038	0.045	0.061	0.090	0.059	0.094	0.067	0		
HLM	0.027	0.041	0.055	0.091	0.041	0.093	0.060	0.039	0	
XR	0.020	0.023	0.029	0.085	0.029	0.087	0.054	0.046	0.034	0

2.3　荒漠锦鸡儿的遗传结构分析

基于贝叶斯聚类法，使用 Structure 2.3.4 软件对 10 个荒漠锦鸡儿种群进行遗传结构分析。将群体数量 K 设置为 1 至 10，并对每个 K 值进行 10 次重复模拟运算。通过在线工具 structure Harvester（http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/#）计算 ΔK 值。结果（图 1-A）显示，在 K=2 时 ΔK 值最大，表明这 10 个荒漠锦鸡儿种群可以划分为 2 个类群（图 1-B）。



A. 纵轴为 ΔK 值，展示了随着分群数量 K 值的变化 ΔK 值的波动情况。红色圆点代表最佳分组对应的 ΔK，最佳群体结构为 K=2；B. 在不同 K 值下样本群体的结构组成。不同颜色代表不同的群体成分，横向每一条代表一个样本，纵向不同颜色的条块长度反映该样本中对应群体成分的比例。a 和 b 表示 100 个荒漠锦鸡儿群体被分成 2 个类群。

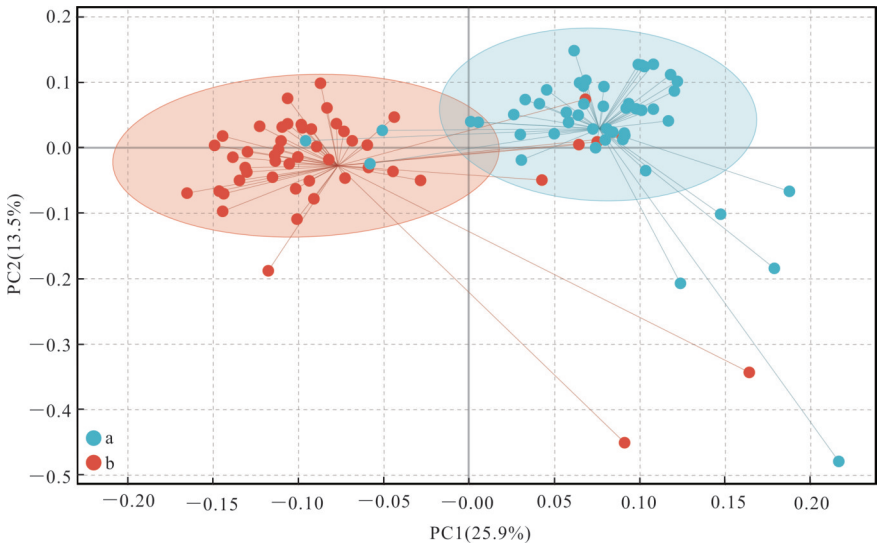
A. The vertical axis represents ΔK, showing the fluctuation of ΔK values as the K value changes. The red dot represents the ΔK corresponding to the optimal grouping, and the optimal population structure is K=2. B. Population structure analysis diagram, which shows the structural composition of sample populations under different K values. Different colors represent different population components. Each horizontal bar represents a sample, and the length of vertical-colored segments reflects the proportion of the corresponding population component in that sample. a and b represent the two groups into which the 100 *Caragana roborovskyi* populations were divided.

图 1　基于 SSR 分子标记的荒漠锦鸡儿群体结构

Fig. 1　Population structure of *Caragana roborovskyi* based on SSR molecular markers

2.4　荒漠锦鸡儿遗传分化的主成分分析

为进一步探究荒漠锦鸡儿不同种群的遗传分化特征，基于二进制数据进行了主成分分析。结果（图 2）表明，第一主成分和第二主成分分别解释了总变异的 25.9% 和 13.5%。根据分析结果，10 个荒漠锦鸡儿种群可划分为 2 个类群，其中 WLMQ、HN、YD、HLM 和 XR 5 个种群聚为一类，其他 5 个种群聚为另一类。



红色和蓝色点表示 100 份荒漠锦鸡儿材料分成了 2 个不同的类群，且各采样点在 PC1 和 PC2 上有一定的分布趋势和聚集性。

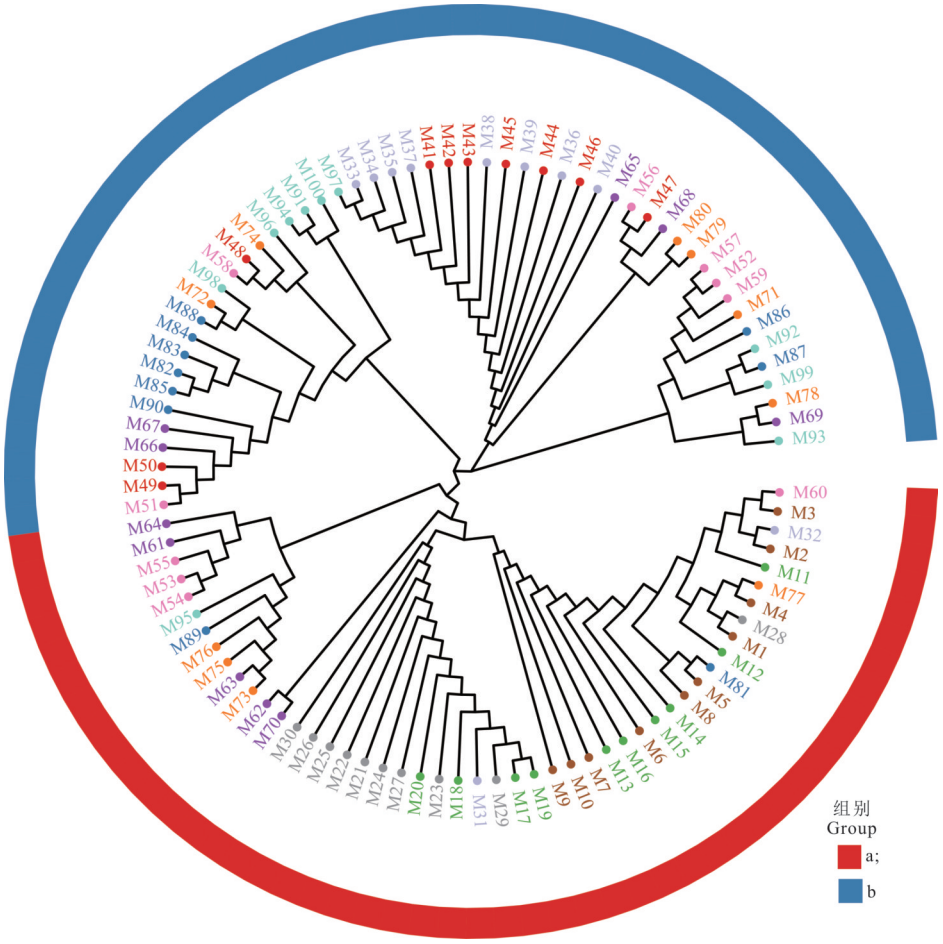
The red and blue dots indicate that 100 *Caragana roborovskyi* materials are divided into two different groups, and the sampling points of each group exhibit certain distribution trends and clustering patterns on PC1 and PC2.

图 2　10 个荒漠锦鸡儿种群的主成分分析（PCA）结果

Fig. 2　Principal component analysis (PCA) of 10 *Caragana roborovskyi* populations

2.5 荒漠锦鸡儿的聚类分析

基于 R 4.2.1 软件对 100 份荒漠锦鸡儿材料进行聚类分析,结果(图 3)表明,100 份荒漠锦鸡儿材料分成 2 组,其中 a 组包含 WLMQ、HN、YD、HLM 和 XR 5 个居群,b 组包含 GH、ZY、XH、JZ 和 MH 共 5 个居群,该结果与 PCA 分析和 Structure 分析结果一致。表明绝大多数来自同一种群的荒漠锦鸡儿材料被分到同一组,同时,100 份荒漠锦鸡儿材料并未严格按照材料的地理来源进行聚类。



M1—M10. WLMQ;M11—M20. HN;M21—M30. YD;M31—M40. ZY;M41—M50. GH;M51—M60. XH;M61—M70. JZ;M71—M80. MH;M81 - M90. HLM;M91—M100. XR。

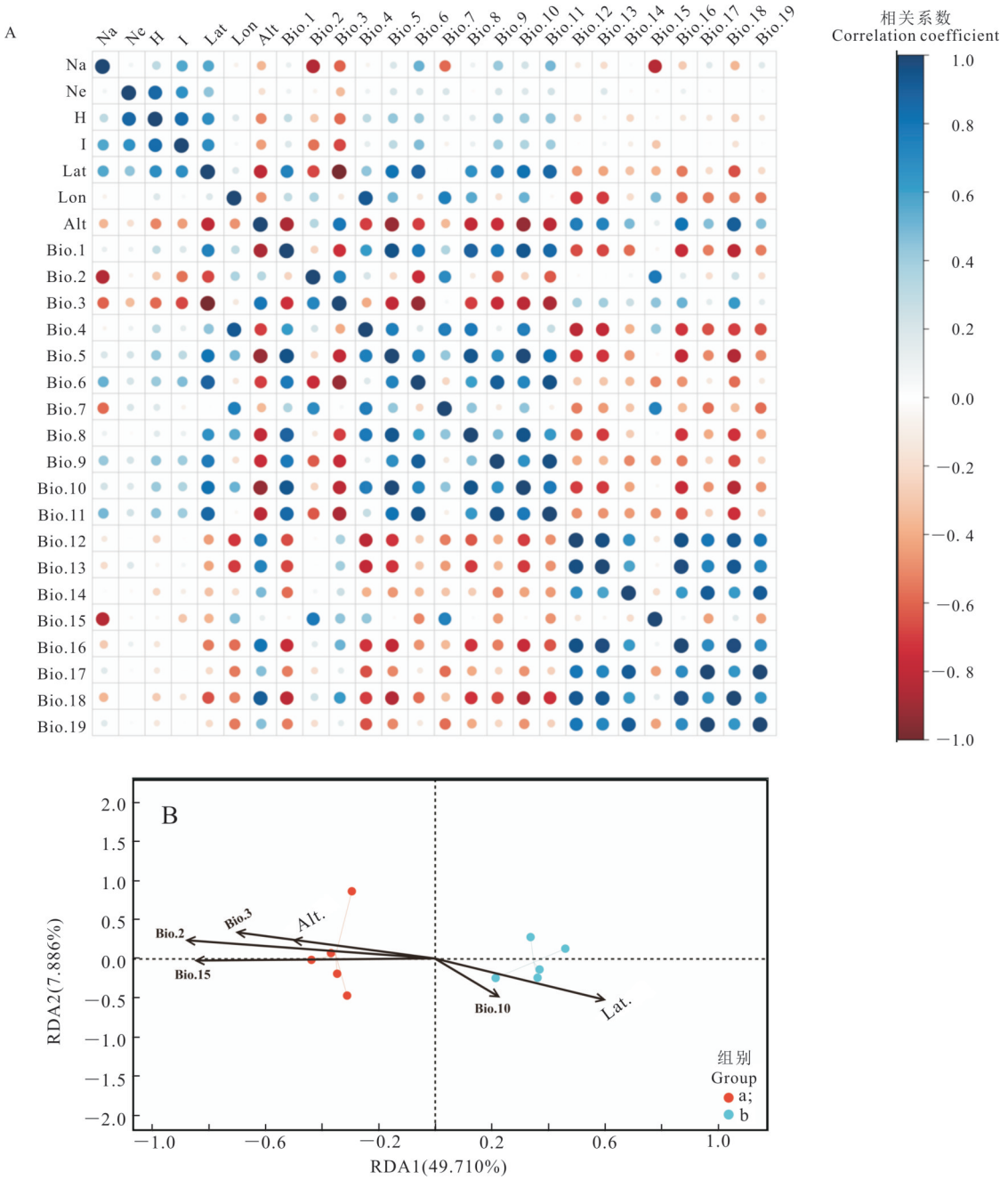
图 3 基于 SSR 分子标记的荒漠锦鸡儿 NJ 聚类分析结果

Fig. 3 NJ clustering analysis of *Caragana roborovskyi* based on SSR molecular markers

2.6 荒漠锦鸡儿遗传多样性与环境因子的相关性分析

以 10 个荒漠锦鸡儿种群的 SSR 遗传多样性指数(观测等位基因数、有效等位基因数、Nei's 基因多样性指数、shannon 指数)为因变量,以包括经纬度、海拔以及 19 个气象因子在内的共 22 个环境因子为自变量,进行荒漠锦鸡儿遗传多样性与环境因子的相关性分析。结果(图 4-A)表明,纬度与遗传多样性之间呈显著正相关关系,与最冷月最低温度、最干季度平均温度、最暖季度平均温度和最冷季度平均温度呈正相关关系;海拔、平均温度日较差、等温性和降水量变异系数与遗传多样性呈显著负相关性。上述结果表明,海拔、纬度、降水和温度等环境因子可能是影响荒漠锦鸡儿遗传多样性的关键因素。

为进一步探究环境因子对荒漠锦鸡儿遗传多样性的影响,对与荒漠锦鸡儿遗传多样性呈显著相关的环境因子进行冗余分析(RDA),结果(图 4-B)表明,荒漠锦鸡儿种群遗传多样性与海拔、纬度、平均温度日较差、等温性、最暖季度平均温度和降水量变异系数 6 个关键环境因子之间存在显著关联。RDA 前两轴解释了大量的遗传变异(RDA1:49.710%;RDA2:7.886%)。其中每个独立的环境因子与遗传变异也存在显著相关性,由图 4-B 可知,纬度、平均温度日较差和降水量变异系数是影响荒漠锦鸡儿种群遗传多样性的最重要环境因子。



Na. 等位基因数；Ne. 有效等位基因数；H. Nei's基因多样性指数；I. Shannon指数；Lat. 纬度；Lon. 经度；Alt. 海拔；Bio1. 年平均温度；Bio2. 平均温度日较差；Bio3. 等温性；Bio4. 温度季节性变化；Bio5. 最热月最高温度；Bio6. 最冷月最低温度；Bio7. 年温度变化范围；Bio8. 最湿季度平均温度；Bio9. 最干季度平均温度；Bio10. 最暖季度平均温度；Bio11. 最冷季度平均温度；Bio12. 年平均降水量；Bio13. 最湿月降水量；Bio14. 最干月降水量；Bio15. 降水量变异系数；Bio16. 最湿季度降水量；Bio17. 最干季度降水量；Bio18. 最暖季度降水量；Bio19. 最冷季度降水量。红色点和蓝色点表示10个荒漠锦鸡儿种群被分成2个组，箭头表示环境变量向量，向量大小表示关联程度。

Na. Number of alleles; Ne. Effective number of alleles; H. Nei's gene diversity index; I. Shannon index; Lat. Latitude; Lon. Longitude; Alt. Altitude; Bio1. Annual mean temperature; Bio2. Mean diurnal temperature range; Bio3. Isothermality; Bio4. Temperature seasonality; Bio5. Maximum temperature of warmest month; Bio6. Minimum temperature of coldest month; Bio7. Temperature annual range; Bio8. Mean temperature of wettest quarter; Bio9. Mean temperature of driest quarter; Bio10. Mean temperature of warmest quarter; Bio11. Mean temperature of coldest quarter; Bio12. Annual precipitation; Bio13. Precipitation of wettest month; Bio14. Precipitation of driest month; Bio15. Precipitation seasonality; Bio16. Precipitation of wettest quarter; Bio17. Precipitation of driest quarter; Bio18. Precipitation of warmest quarter; Bio19. Precipitation of coldest quarter. The red and blue dots indicate that 10 populations are divided into two groups, and the arrows represent environmental variable vectors, with the size of the vectors indicating the magnitude of the association.

图4　基于SSR分子标记的荒漠锦鸡儿遗传多样性与环境因子的关联分析

Fig. 4　Association analysis of genetic diversity and environmental factors in *Caragana roborovskyi* based on SSR molecular markers

3 讨 论

3.1 荒漠锦鸡儿遗传多样性分析

SSR标记是一种依赖于聚合酶链式反应对特异DNA片段进行扩增的分子标记技术,广泛用于植物遗传多样性研究。本研究对采自新疆、青海、甘肃和宁夏地区10个居群共100份荒漠锦鸡儿材料,用14对SSR引物共扩增出2 124个多态性位点,多态性位点占比达到94.82%。杨九艳等[23]对鄂尔多斯高原8种锦鸡儿材料,运用14个ISSR引物共扩增出355个多态性条带,多态性条带占比达100%。黄文达等[24]对不同海拔梯度下6个小叶锦鸡儿居群,利用8条ISSR引物扩增出126条多态性条带,多态位点占比为88.73%。与上述锦鸡儿属其他物种的研究结果相比,本研究所选择的14对SSR引物能有效、稳定地用于检测荒漠锦鸡儿的遗传多样性,同时也表明荒漠锦鸡儿具有丰富的遗传多样性。基因多样性指数和Shannon指数是遗传多样性研究中的重要指标,可以反映种群间的遗传多样性水平。本研究中,基因多样性指数平均值为0.377 8,Shannon指数平均值为0.552 0,其中ZY种群的遗传多样性最低(0.351 6),XR种群的遗传多样性最高(0.388 4),表明荒漠锦鸡儿具有丰富的遗传多样性,且不同居群间存在遗传变异。

3.2 荒漠锦鸡儿遗传分化分析

群体遗传分析结果表明,荒漠锦鸡儿10个居群间遗传分化程度较低,群体遗传分化指数(Gst)为0.118 1,表明10个荒漠锦鸡儿居群间遗传变异仅占总遗传变异的11.81%。这与高基因流强度(Nm=3.732 0)密切相关,表明在自然分布区内,荒漠锦鸡儿居群间存在持续的基因流,有效抵消了遗传漂变对遗传结构的塑造作用。WRIGH[25]研究表明,Nm>1,表明基因流较大,物种可维持自身的稳定性,能有效防止遗传漂变引起的遗传变异。梁颖[26]在内蒙古荒漠区锦鸡儿遗传多样性研究中得出荒漠锦鸡儿基因流强度大于1,与本研究结果一致,表明在自然状态下,荒漠锦鸡儿居群间存在丰富的基因交流,从而防止由遗传漂变而引起的遗传分化,有利于荒漠锦鸡儿对其居群中优良基因的保存和传递。荒漠锦鸡儿具有较高的基因流,推测其原因可能与荒漠锦鸡儿所处的地理环境有关,本研究所选择的荒漠锦鸡儿材料均位于西北荒漠半荒漠地区,常年风沙较大,荒漠锦鸡儿的花粉和种子可以随风四处飘散;此外,也可能与其所处环境长期放牧有关,荒漠锦鸡儿适口性较好,牲畜乐意采食,在采食过程中将花粉、种子等随机携带到其他地方,给不同居群间频繁的基因交流创造了条件;也可能是荒漠锦鸡儿花期在4—5月份,花期较长,有利于昆虫等进行传粉,使得花粉随机散播。

3.3 荒漠锦鸡儿聚类分析

100份荒漠锦鸡儿材料的聚类结果表明,绝大多数来自同一居群的材料优先聚为一组,但也没有严格按照地理来源进行聚类。这与郑如玉[27]和丛晓丽等[28]在锦鸡儿属其他物种中的研究结果一致。已有研究发现,不同种群因自然选择压力而导致的适应性变异,对种群的遗传结构形成也具有重要影响[29]。由于地质历史和气候变迁等缘故,锦鸡儿属的原始类群曾遭到严重破坏,形成现在的间断分布模式[30]。本研究供试材料是基于荒漠锦鸡儿的现代地理主体分布区进行采集的,分布型以环青藏高原为主。随着青藏高原东北岩缘众多单个山的隆起,可能在当地产生了局部地形障碍,阻挡了湿润水汽的流动,进而影响植物的繁殖倾向、形态结构和功能[31]。

3.4 荒漠锦鸡儿遗传多样性指数与生态因子的相关性分析

在不同自然地理环境下生长的植物种群间往往存在隔离,地理隔离不仅会阻碍植物种群间的基因交流,进而影响植物种群的遗传分化和变异分布,同时也会影响植物材料间的亲缘关系及聚类结果[32]。Mantel检测结果表明,荒漠锦鸡儿各种群间的地理距离与其遗传距离之间无相关性(r=0.081,P>0.05),表明地理距离并不是影响荒漠锦鸡儿遗传分化的主导因素。荒漠锦鸡儿在荒漠区主要依靠克隆生长来产生分株,进而适应所处环境,但此过程易受生境中光照、温度、海拔及水分等生态因子的影响,从而对其遗传多样性产生一定影响[33]。遗传多样性指数与生态因子的Pearson相关性分析结果表明,Shannon指数与平均气温日较差呈显著负相关;等位基因数、多态位点占比与平均气温日较差、降水量季节性变化呈极显著负相关,与最干季度降水量呈显著正相关。表明所处生境的气温和降水量变化可能会影响荒漠锦鸡儿种质材料的遗传多样性。

4　结　论

本研究对采自新疆、青海、甘肃和宁夏地区自然分布的100份荒漠锦鸡儿材料进行遗传多样性及群体遗传结构分析，结果表明荒漠锦鸡儿野生种群具有较丰富的遗传多样性，10个居群的100份荒漠锦鸡儿材料并未严格按照地理来源进行分类，地理距离与遗传距离无相关性；荒漠锦鸡儿居群间遗传分化较弱，居群内的遗传分化程度较居群间大。基因流可能是造成其遗传多样性水平及遗传分化程度的主要原因，平均气温日较差和降水量季节性变化可能是其种群遗传多样性水平的制约因素。该研究结果为荒漠锦鸡儿野生种质资源遗传多样性研究及其种质资源利用与保护提供科学依据。

[参考文献]

[1] 赵一之．世界锦鸡儿属植物分类及其区系地理[M]．呼和浩特：内蒙古大学出版社，2009.
ZHAO Y Z. Classification and its floristic geography of *Caragana* Fabr. in the world[M]. Hohhot: Inner Mongolian University Press, 2009.

[2] 马玉梅，罗菊元，陈涛，等．锦鸡儿属植物抗炎活性成分与抗炎作用和机制研究进展[J]．药学学报，2025，60(1)：58-71.
MA Y M, LUO J Y, CHEN T, et al. Progress in the study of anti-inflammatory active components with anti-inflammatory effects and mechanisms in *Caragana* Fabr. [J]. Acta Pharmaceutica Sinica, 2025, 60(1): 58-71.

[3] NA X F, XU T T, LI M, et al. Bacterial diversity in the rhizosphere of two phylogenetically closely related plant species across environmental gradients[J]. Journal of Soils and Sediments, 2017, 17(1): 122-132.

[4] 宋萍，田贵林，亢诗雯，等．中国锦鸡儿属药用植物研究进展[J]．中南民族大学学报(自然科学版)，2025，44(3)：334-342.
SONG P, TIAN G L, KANG S W, et al. Research progress in medicinal plants of genus *Caragana* Fabr. in China[J]. Journal of South-Central Minzu University (Natural Science Edition), 2025, 44(3): 334-342.

[5] 胡鸿姣，刘新平，张铜会，等．小叶锦鸡儿饲用营养价值及青贮加工[J]．草业学报，2021，30(11)：181-190.
HU H J, LIU X P, ZHANG T H, et al. Feed nutritional value and silage processing properties of *Caragana microphylla*[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2021, 30(11): 181-190.

[6] JENA R C, CHAND P K. Multiple DNA marker-assisted diversity analysis of Indian mango (*Mangifera indica* L.) populations[J]. Scientific Reports, 2021, 11(1): 10345.

[7] PRASANTH TEJ KUMAR J, THIRUGNANAVEL A, UPADHYAY D Y, et al. Genetic diversity and population structure of sweet orange (*Citrus sinensis*) germplasm revealed by SSR and InDel markers[J]. The Indian Journal of Agricultural Sciences, 2024, 94(6): 606-612.

[8] LIU F L, XI L, FU N F. Genome-wide development of simple sequence repeat (SSR) markers at 2-Mb intervals in *Lotus* (*Nelumbo* Adans.)[J]. BMC Genomics, 2025, 26(1): 4.

[9] CAO Q J, LU B R, XIA H, et al. Genetic diversity and origin of weedy rice (*Oryza sativa* f. *spontanea*) populations found in Northeastern China revealed by simple sequence repeat (SSR) markers[J]. Annals of Botany, 2006, 98(6): 1241-1252.

[10] BELAJ A, MUÑOZ-DIEZ C, BALDONI L, et al. Genetic diversity and population structure of wild olives from the Northwestern Mediterranean assessed by SSR markers[J]. Annals of Botany, 2007, 100(3): 449-458.

[11] 谢文刚，张新全，马啸，等．中国西南区鸭茅种质遗传变异的SSR分析[J]．草业学报，2009，18(4)：138-146.
XIE W G, ZHANG X Q, MA X, et al. Genetic variation of *Dactylis glomerata* germplasm from Southwest China detected by SSR markers[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2009, 18(4): 138-146.

[12] 李晓敏．内蒙古高原小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿、柠条锦鸡儿遗传性多样性SSR分析[D]．呼和浩特：内蒙古大学，2017.
LI X M. SSR analysis of genetic diversity of *Caragana microphylla*, *Caragana intermedia* and *Caragana korshinskii* in Inner Mongolia Plateau[D]. Hohhot: Inner Mongolia University, 2017.

[13] 郭强，时永杰，魏臻武，等．河西走廊14种锦鸡儿遗传多样性SSR分析[J]．草地学报，2008，16(3)：227-233.
GUO Q, SHI Y J, WEI Z W, et al. Genetic diversity analysis by SSR marker of fourteen species of *Caragana* Fabr. in Hexi corridor area of Gansu[J]. Acta Agrestia Sinica, 2008, 16(3): 227-233.

[14] 李金璐，王硕，于婧，等．一种改良的植物DNA提取方法[J]．植物学报，2013，48(1)：72-78.
LI J L, WANG S, YU J, et al. A modified CTAB protocol for plant DNA extraction[J]. Chinese Bulletin of Botany, 2013, 48(1): 72-78.

[15] 刘磊，王宗礼，李志勇，等．基于ISSR分子标记的扁蓿豆植物分类学研究[J]．中国草地学报，2015，37(3)：26-30.
LIU L, WANG Z L, LI Z Y, et al. Study on taxonomy of *Medicago ruthenica* L. using ISSR[J]. Chinese Journal of Grassland, 2015, 37(3): 26-30.

[16] DONG B N, LI Q Y, ZHANG T T, et al. Population genetic polymorphism of skeletal muscle strength related genes in five ethnic minorities in North China[J]. Frontiers in Genetics, 2021, 12: 756802.

[17] EVANNO G, REGNAUT S, GOUDET J. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study[J]. Molecular Ecology, 2005, 14(8): 2611-2620.

[18] 姚榕，方彦．生物学分析软件MVSP的介绍与使用[J]．湖北农业科学，2012，51(11)：2357-2360.
YAO R, FANG Y. Introduction and utilization of biological software MVSP[J]. Hubei Agricultural Sciences, 2012, 51

(11):2357-2360.

[19] TAMURA K,DUDLEY J,NEI M,et al. MEGA4:molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0 [J]. Molecular Biology and Evolution,2007,24(8):1596-1599.

[20] 李欣. 居群遗传分析软件:GENALEX 6简介 [J]. 中国野生植物资源,2008,27(4):59-62.
LI X. Introduction to a population genetic software:GENALEX 6[J]. Chinese Wild Plant Resources,2008,27(4):59-62.

[21] MANTEL N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach[J]. Cancer Research,1967,27(2):209-220.

[22] EXCOFFIER L,LAVAL G,SCHNEIDER S. Arlequin (version 3.0):an integrated software package for population genetics data analysis [J]. Evolutionary Bioinformatics Online,2007,1:47-50.

[23] 杨九艳,杨劼,杨明博,等. 鄂尔多斯高原锦鸡儿属药用植物的ISSR分析[J]. 中草药,2006,37(10):1562-1566.
YANG J Y,YANG J,YANG M B,et al. ISSR analysis on medicinal plants of *Caragana* Fabr. in Ordos Plateau[J]. Chinese Traditional and Herbal Drugs,2006,37(10):1562-1566.

[24] 黄文达,赵学勇,李玉霖,等. 不同海拔梯度下小叶锦鸡儿的居群遗传多样性[J]. 草业科学,2015,32(4):552-559.
HUANG W D,ZHAO X Y,LI Y L,et al. Genetic diversity analysis of *Caragana microphylla* population in different altitude gradients[J]. Pratacultural Science,2015,32(4):552-559.

[25] WRIGHT S. Evolution in mendelian populations[J]. Genetics,1931,16(2):97-159.

[26] 梁颖. 内蒙古荒漠区锦鸡儿遗传多样性分析[D]. 呼和浩特:内蒙古大学,2018.
LIANG Y. Genetic diversity analysis of *Caragana* in desert area of Inner Mongolia[D]. Hohhot:Inner Mongolia University,2018.

[27] 郑如玉,刘坤,杨杞,等. 中间锦鸡儿干旱转录组SSR标记的开发及遗传多样性研究[J]. 分子植物育种,2017,15(6):2236-2243.
ZHENG R Y,LIU K,YANG Q,et al. SSR marker development and the genetic diversity of *Caragana intermedia* in based on transcriptome under drought stress [J]. Molecular Plant Breeding,2017,15(6):2236-2243.

[28] 丛晓丽,杨九艳,李晓敏,等. 内蒙古高原狭叶锦鸡儿遗传多样性研究[J]. 中国草地学报,2017,39(1):85-92.
CONG X L,YANG J Y,LI X M,et al. Genetic diversity analysis of *Caragana stenophylla* Pojark in Inner Mongolia Plateau [J]. Chinese Journal of Grassland,2017,39(1):85-92.

[29] 拉琼,张勇群,扎西次仁. 青藏高原特有植物分子谱系地理学研究现状[J]. 西藏大学学报(自然科学版),2013,28(1):12-15.
LA Q,ZHANG Y Q,TASHI T. Status of phylogeography research on endemic plants of Tibetan Plateau[J]. Journal of Tibet University,2013,28(1):12-15.

[30] ZHANG M L,XIANG X G,XUE J J,et al. Himalayan uplift shaped biomes in Miocene temperate Asia:evidence from leguminous *Caragana*[J]. Scientific Reports,2016,6:36528.

[31] GARCÍA-VERDUGO C,SAJEVA M,MANTIA T L,et al. Do island plant populations really have lower genetic variation than mainland populations? Effects of selection and distribution range on genetic diversity estimates[J]. Molecular Ecology,2015,24(4):726-741.

[32] 张建波,鄢家俊,白史且,等. 基于ISSR标记的野生斑茅居群遗传结构研究[J]. 中国草地学报,2017,39(3):23-30.
ZHANG J B,YAN J J,BAI S Q,et al. A study on genetic structure of wild *Erianthus arundinaceus* populations based on ISSR markers[J]. Chinese Journal of Grassland,2017,39(3):23-30.

[33] 李志勇,李鸿雁,蔡丽艳,等. 中国扁蓿豆种质资源遗传多样性的ISSR标记与生态因子相关性分析[J]. 华北农学报,2014,29(6):94-100.
LI Z Y,LI H Y,CAI L Y,et al. Genetic diversity of ISSR markers and environment factors correlation analysis of *Medicago ruthenica* in China[J]. Acta Agricultural Boreali-Sinica,2014,29(6):94-100.

(责任编辑:陈丽)