

## 基于 SSR 标记的乌桕群体遗传变异研究

周琦<sup>1</sup>, 李因刚<sup>1\*</sup>

(浙江省林业科学研究院 杭州 310023)

**摘要:** 探究现存乌桕 (*Triadica sebifera* (Linnaeus) Small) 种质资源遗传多样性和遗传分化情况。以来自中国 7 个省份 8 个乌桕群体的 203 个样本为研究对象, 利用 10 对 SSR 标记进行遗传分析。10 个 SSR 位点共检测到 43 个等位基因, 平均期望杂合度  $He$  为 0.491。乌桕遗传多样性水平较低, 明显低于部分被子植物, 如: 银杏(*Ginkgo biloba*,  $He=0.808$ )、栓皮栎(*Quercus variabilis*,  $He=0.707$ )和陈山红心杉(*Cunninghamia lanceolata*,  $He=0.557$ )。乌桕群体间存在较小的遗传分化 ( $F_{st}=0.026$ )。遗传距离与 STRUCTURE 分析结果进一步证实了 8 个群体总体上遗传信息组成十分相似。然而, UPGMA 聚类结果显示 8 个群体仍可分成 3 大类, 分类情况与其地理位置有关, 即分为西南组 (ZY)、中部组 (HG 和 XY) 和东部组 (LS、HS、LX、XZ 和 LY)。Mantel 检验结果则进一步说明群体间遗传分化与地理距离存在显著正相关关系。此外, 中部 XY 群体和 HG 群体检测到的稀有等位基因最多, 分别为 4 个、3 个; 这些个体不仅对维持物种多样性具有重要意义, 同时也是宝贵的育种材料, 可以加以保护, 以保持乌桕群体的遗传多样性水平。由于乌桕经济地位下降后, 砍伐现象严重, 这可能是造成其遗传多样性水平较低的原因之一。乌桕早期引种栽培现象普遍, 群体间基因交流频繁, 可能导致了遗传组成十分相似的重要原因之一。