

◆植物科学◆

野生玫瑰迁地保存种群遗传多样性保护成效研究*

王浩然¹, 解孝满², 仝伯强², 刘丹², 马燕¹, 臧德奎¹, 吴其超^{1**}

(1. 山东农业大学林学院, 黄河下游国家林业局林业重点实验室, 山东泰安 271018; 2. 山东省林草种质资源中心, 山东济南 250014)

摘要:野生玫瑰(*Rosa rugosa*)具有重要的经济价值、生态价值和育种价值,被列为国家二级重点保护野生植物。了解玫瑰野生种群和迁地保存种群的遗传多样性和遗传结构,可为其种质资源的保护及管理提供指导。本研究基于 SSR 分子标记对野生玫瑰开展迁地保护成效评估,结果显示:野生种群中以辽宁大连种群的遗传多样性最高,而吉林珲春种群最低。野生种群的总遗传变异(H_t)为 0.383 4、种群内遗传变异(H_s)为 0.280 3、种群间遗传分化系数(F_{st})为 0.268 9,遗传变异主要存在于种群内。各种群的观测杂合度(H_o)均小于期望杂合度(H_e),杂合子缺失($F_{is} > 0$),群体间亲缘关系较近,存在一定程度的近交。合并后的迁地保存种群的等位基因数(N_a)、Shannon's 多样性指数(I)、观测杂合度、期望杂合度等均高于野生种群。以上结果说明,迁地保存种群遗传多样性高于野生种群,野生玫瑰的迁地保护对其种群遗传多样性恢复有正向作用,迁地保护成效较好,可为其他野生植物开展迁地保护提供借鉴。

关键词:野生玫瑰;迁地保护;成效评估;遗传多样性;遗传结构;SSR

中图分类号:S685.12 文献标识码:A 文章编号:1002-7378(2024)04-0424-09

DOI:10.13657/j.cnki.gxkxyxb.20241226.006

野生玫瑰(*Rosa rugosa*)为蔷薇科(Rosaceae)蔷薇属(*Rosa*)植物,具有重要的生态价值、经济价值和育种价值,在国内主要分布在辽宁、吉林以及山东部分地区。Yang等^[1]研究表明,野生玫瑰的濒危是人类活动的结果,大部分野生玫瑰种呈现出生长缓慢、

繁殖力低、遗传多样性减少等负面趋势。2021年野生玫瑰被列为国家二级重点保护野生植物^[2],珲春市的野生玫瑰种群被划入吉林珲春东北虎国家级自然保护区,山东烟台市的野生玫瑰被划入烟台沿海防护林省级自然保护区^[3]。十几年前,长白山和上海建立

收稿日期:2024-06-15

修回日期:2024-08-17

* 山东省重点研发计划(重大科技创新工程)“林木种质资源挖掘与精准鉴定”项目(2021LZGC023),2021年山东省林业改革发展资金专项“山东省草本植物种质资源普查”项目(鲁财预指[2021]1号),2021年山东省高等学校“青创科技支持计划”“物种保护与生物入侵创新团队”项目(鲁科教函[2021]51号)资助。

【第一作者简介】

王浩然(2001—),男,在读硕士研究生,主要从事园林植物研究。

【**通信作者简介】

吴其超(1990—),男,博士,讲师,主要从事植物分类和濒危植物保护研究,E-mail:Wuqc@sda.u.edu.cn。

【引用本文】

王浩然,解孝满,仝伯强,等.野生玫瑰迁地保存种群遗传多样性保护成效研究[J].广西科学院学报,2024,40(4):424-432.

WANG H R, XIE X M, TONG B Q, et al. Study on the Effect of Genetic Diversity Protection of Wild Rose *Rugosa Ex Situ* Conservation Population [J]. Journal of Guangxi Academy of Sciences, 2024, 40(4): 424-432.

了3处野生玫瑰基因保存林,但规模较小,收集的异质基因有限^[4]。可见,对野生玫瑰的研究与保护亟待深入,并且需要新的思路及多方努力。

迁地保护是收集和保存野生植物资源,尤其是珍稀濒危物种种质资源的重要方式^[5],对生境受到严重破坏的物种,有必要采取该方式进行保护,以维护生物多样性和生态平衡。张凯强等^[6]对杭州植物园迁地保护的夏蜡梅(*Calycanthus chinensis*)进行研究,为夏蜡梅这一濒危植物的保护和利用提供科学依据。邓丽丽等^[7]对叉叶苏铁(*Cycas bifida*)进行迁地保护研究,发现迁地保护可有效提高其种群遗传多样性,为其种质资源的保护及管理提供理论指导。可见,迁地保护对于恢复种群遗传多样性、保护濒危野生植物资源具有重要作用。

目前对野生玫瑰的研究主要集中在资源分布^[8]、果实^[9,10]、育种^[11,12]和核心种质^[13]等方面。本课题组自2019年起开展野生玫瑰迁地保护工作,但未曾

表1 样品采集信息

Table 1 Sample collection information

种群 Population	采集地 Collection site	经度 Longitude	纬度 Latitude	数量 Quantity
DLYS	Dalian, Liaoning Province	121°94'N	40°10'E	15
HCYS	Hunchun, Jilin Province	130°34'N	42°27'E	15
YTYS	Yantai, Shandong Province	121°61'N	37°46'E	15
WHYS	Weihai, Shandong Province	122°32'N	37°40'E	15
QD	Shandong provincial agricultural high-tech park	117°15'N	36°17'E	60

Note: QD includes 4 *ex situ* conservation populations, with 15 samples for each population and a total of 60.

1.2 方法

1.2.1 DNA提取

采用植物基因组DNA提取试剂盒DC104(南京诺唯赞生物科技股份有限公司)提取样品DNA。

1.2.2 反应体系和扩增程序

采用优化扩增反应体系:总体积20 μ L,其中浓度40 ng/ μ L的模板DNA 1 μ L,浓度10 μ mol/L的正、反向引物各1 μ L,2 \times Taq Master Mix酶10 μ L, ddH₂O 7 μ L。扩增程序:95 $^{\circ}$ C预变性3 min;95 $^{\circ}$ C变性15 s,45—55 $^{\circ}$ C退火(依引物不同而异)15 s,72 $^{\circ}$ C延伸60 s,35个循环;72 $^{\circ}$ C彻底延伸5 min。

1.2.3 扩增产物检测

PCR扩增在Biometra Tone 96G型基因扩增仪(德国耶拿分析仪器股份公司)上进行。反应结束后,送往济南天一生物科技有限公司进行高效毛细管电泳检测。

对其保护成效进行评估。迁地保护种群是人为建立的小型独立种群,存在采样不全、重复引进、资源不清或种植条件差等问题,因此经过迁地保护的濒危植物同样面临遗传多样性下降或灭绝的危险^[14]。为此,本研究以玫瑰野生种群和迁地保存种群为研究对象,采用SSR分子标记技术分析其遗传多样性和遗传结构状况,并对迁地保护的成效进行评估,以期为该物种的有效保护提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

于2023年4月对分布于辽宁大连、吉林珲春、山东烟台、山东威海4个地区的玫瑰野生种群(DLYS、HCYS、YTYS、WHYS)和迁地保存种群(DLQD、HCQD、YTQD、WHQD)进行采样(表1),摘取当年生嫩叶作为提取DNA的样品,硅胶干燥保存。

1.2.4 统计分析

对8对SSR引物扩增后的产物检测得到的基因型进行统计分析。利用GenAlEx 6.5软件^[15]分析各个种群的等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、Shannon's多样性指数(I)、观测杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)及近交系数(F_{is}),并根据分析数据进行主成分分析(Principal Component Analysis, PCoA)。利用POPGENE 1.32软件^[16]计算8个种群的Nei's遗传距离及相似系数。利用MEGA 7.0软件^[17]基于遗传距离构建非加权组平均法(UPGMA)聚类图。

使用Structure 2.3软件^[18]对8个玫瑰种群进行分析,并根据遗传成分差异分析种群遗传结构。遗传学组数(K)设置为1—8,每个 K 值分别运行10次。运行结果代入公式 $m(|L(K+1) - 2L(K) + L(K-1)|) / s[L(K)]$ 计算 ΔK 值,分析出最佳 K 值。公式中 m 代表求平均值, $L(K)$ 代表运行结果中返回的第

K 次运行的 $\ln P(D)$ 值, s 代表标准差。

分析, 共扩增出 29 条条带, 预期产物长度为 89—187 bp。平均每对引物扩增出的条带数为 3.6 条(表 2)。

2 结果与分析

2.1 种群遗传多样性

基于 8 对 SSR 引物对 120 个玫瑰个体进行 SSR

表 2 引物序列及扩增条带数

Table 2 Primer sequence and number of amplified bands

引物编号 Primer No.	引物序列 Primer sequence	荧光类型 Fluorescence type	预期产物长度/bp Expected product length/bp	退火温度/℃ Annealing temperature/℃	扩增条带数 Number of amplified bands
Ro02	GAGAAAATCAAGTCGCC CTCAAACACTCCAGCA	FAM	93	56	2
Ro04	CTTCACCTTCTTGGGAG TGGCTTGTTTGGCTATC	FAM	89	55	3
Ro15	GTGCCCAACTCCATCGT GCTCACAGAAAACCGCC	TAMRA	133	54	2
Ro28	GCTATTTTCATCCCAACA AAGATACTCCATTCCCC	HEX	187	54	2
Ro30	CACTGAAGCAGAAGGAA GGGAGGTGGAAGTAATC	HEX	145	55	2
SSR9	ATTATTCAAGAAATCGATGCAGG TGTGGTGATTAACAGCATTGTTC	HEX	149	57	8
SSR14	GTCTCTGCTGCATTCTTTCTCC ATCTCTATATGACCGATTGCGCT	TAMRA	140	58	3
SSR17	ATATTGGACTCAACACCAGCAAT AATGGCAGATTACGAGAGATTTG	FAM	158	57	7

Note: Primers Ro02, Ro04, Ro15, Ro28 and Ro30 are designed according to the previous research of the research group; primers SSR9, SSR14 and SSR17 refer to the primers developed by Xia^[19].

遗传多样性是保护生物学研究的核心之一, 对珍稀濒危物种保护方针和措施的制定均基于对物种遗传多样性的研究。由 GenAlEx 6.5 软件分析得知, 各种群的 N_a 为 2.000—2.500, 平均值为 2.234; N_e 为 1.441 5—2.062 4, 平均值为 1.698 8; I 平均值为 0.489 9, DLQD 种群最高(0.628 8), HCYS 种群最

低(0.392 4); H_o 为 0.089 3—0.150 0, 平均值为 0.122 7; H_e 为 0.226 0—0.359 8, 平均值为 0.283 5 (表 3)。整体来看, HCYS 的各项指标最低, 即遗传多样性水平最低, DLQD 的各项指标最高; 辽宁大连与吉林珲春迁地保存种群遗传多样性水平分别高于其对应的野生种群。

表 3 8 个玫瑰种群的遗传多样性指数

Table 3 Genetic diversity index of 8 populations of *Rosa rugosa*

种群 Population	等位基因 数 N_a	有效等位 基因数 N_e	Shannon's 多样性指数 I	观测杂 合度 H_o	期望杂 合度 H_e	近交系数 F_{is}
DLYS	2.500	1.895 0	0.571 9	0.112 8	0.313 4	0.640 1
DLQD	2.500	2.062 4	0.628 8	0.089 3	0.359 8	0.751 8
HCYS	2.125	1.441 5	0.392 4	0.100 0	0.226 0	0.557 5
HCQD	2.375	1.647 8	0.491 5	0.144 0	0.283 4	0.491 9
YTYS	2.000	1.668 9	0.475 1	0.150 0	0.293 1	0.488 2
YTQD	2.250	1.629 3	0.463 7	0.150 0	0.258 6	0.419 9
WHYS	2.125	1.744 9	0.494 0	0.116 7	0.288 8	0.595 9
WHQD	2.000	1.500 6	0.401 5	0.118 5	0.244 8	0.515 9
Average	2.234	1.698 8	0.489 9	0.122 7	0.283 5	0.557 7

将野生种群与迁地保存种群分别合并, 合并后的遗传多样性及结构分析结果如表4所示。迁地保存种群等位基因数略高于野生种群, 野生种群的 I 、 H_o 、 H_e 分别为 0.715 7、0.120 4、0.386 5, 迁地保存种群的 I 、 H_o 、 H_e 分别为 0.752 3、0.127 2、0.409 3。综合分析发现, 迁地保存种群的遗传多样性水平高于野生种群。野生种群与迁地保存种群的近交系数均为正值且数值较高, 表明种群杂合子缺失, 纯合子过剩, 存在一定程度的自交或近交。

野生种群的总遗传变异(H_t)为 0.383 4, 种群内

表4 玫瑰野生种群与迁地保存种群的遗传多样性及结构分析

Table 4 Genetic diversity and structure analysis of wild populations and *ex situ* conservation populations of *Rosa rugosa*

种群 Population	等位基因数 N_a	Shannon's 多样性指数 I	观测杂合度 H_o	期望杂合度 H_e	近交系数 F_{is}	总遗传变异 H_t	种群内遗传 变异 H_s	种群间遗传 分化系数 F_{st}
Wild population	3.375	0.715 7	0.120 4	0.386 5	0.688 4	0.383 4	0.280 3	0.268 9
<i>Ex situ</i> conser- vation population	3.475	0.752 3	0.127 2	0.409 3	0.689 2	0.410 9	0.286 7	0.302 3
Total value	3.625	0.742 7	0.123 6	0.400 3	0.691 2	0.399 7	0.283 5	0.290 7

2.2 遗传结构

由 POPGENE 1.32 软件计算得到 8 个玫瑰种群间的 Nei's 遗传距离及相似系数(表 5)。由此分析可知, 8 个种群间的 Nei's 遗传距离为 0.013 0—0.386 6, 变幅为 0.373 6; 遗传相似系数为 0.679 4—0.987 1, 变幅为 0.307 7。其中, 遗传距离最近的两个种群为 HCYS 与 HCQD; 遗传距离最远的两个种群为 YTQD 与 WHQD。将分析出的遗传距离数据

表5 8个玫瑰种群间的 Nei's 遗传距离(左下角)与相似系数(右上角)

Table 5 Nei's genetic distance (lower left corner) and similarity coefficient (upper right corner) among 8 populations of *Rosa rugosa*

种群 Population	DLYS	DLQD	HCYS	HCQD	YTYS	YTQD	WHYS	WHQD
DLYS		0.941 6	0.917 7	0.901 2	0.766 7	0.711 8	0.778 3	0.866 1
DLQD	0.060 2		0.836 2	0.819 8	0.783 2	0.739 7	0.765 0	0.817 0
HCYS	0.085 9	0.178 9		0.987 1	0.800 7	0.714 8	0.796 7	0.878 3
HCQD	0.104 0	0.198 7	0.013 0		0.797 6	0.702 8	0.791 6	0.859 4
YTYS	0.265 6	0.244 4	0.222 3	0.226 1		0.963 3	0.794 2	0.738 2
YTQD	0.339 9	0.301 5	0.335 8	0.352 7	0.037 4		0.739 6	0.679 4
WHYS	0.250 6	0.267 8	0.227 3	0.233 7	0.230 4	0.301 6		0.943 1
WHQD	0.143 8	0.202 1	0.129 8	0.151 5	0.303 5	0.386 6	0.058 6	

遗传变异(H_s)为 0.280 3, 种群间遗传变异为 0.103 1, 种群间遗传分化系数(F_{st})为 0.268 9。迁地保存种群的 H_t 为 0.410 9, H_s 为 0.286 7, 种群间遗传变异为 0.124 2, F_{st} 为 0.302 3。

野生种群和迁地保存种群的 H_t 为 0.399 7, H_s 为 0.283 5, 种群间遗传变异为 0.116 2, F_{st} 为 0.290 7。在整体遗传多样性中, 遗传变异主要存在于种群内: 29.07% 的遗传变异存在于种群间, 70.93% 的遗传变异存在于种群内。

导入 MEGA 7.0 软件, 构建 8 个玫瑰种群聚类图(图 1)以及 120 个玫瑰个体的遗传聚类图(图 2)。同一地区的野生种群与迁地保存种群均聚为一类; 山东烟台地区的种群单独聚为一类, 与其他地区种群有所区分。个体聚类与种群聚类相一致, 但表现出来自不同群体的个体出现个体混合聚类模式, 代表着群体间缺乏强遗传分化。

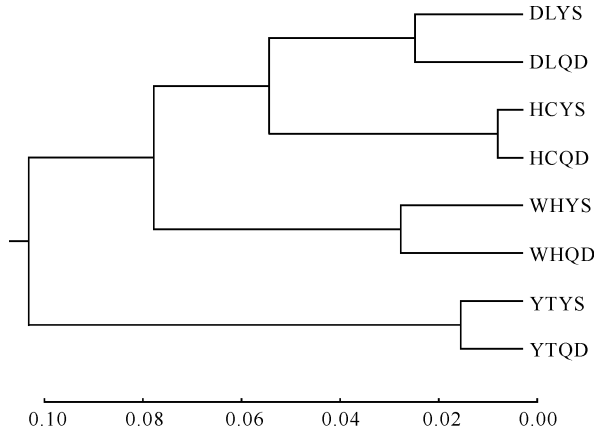


图1 基于种群遗传距离的聚类图

Fig.1 Clustering map based on population genetic distance

PCoA 结果见图 3。烟台种群相对独立,大连种群与珲春种群遗传关系较为相近。Coord.1 和 Coord.2 分别代表 19.91% 和 12.77% 的总变异。Structure 分析结果显示,8 个玫瑰种群 120 个玫瑰个体最佳遗传学组数 $K=2$ [图 4(a)], 此时烟台种群大部分个体分为一组, 其余种群大部分个体分为一组 [图 4(b)]。当 $K=4$ 时, 聚类情况与野生玫瑰分布地位置基本一致, 出现少量离群样本 [图 4(c)]。珲春种群、烟台种群和威海种群相对独立, 仅有部分个体与其他地区个体进行过基因交流; 珲春种群中则存在较多与外地个体交流的个体。PCoA 和 Structure 分析 8 个玫瑰种群遗传结构的结果基本一致。

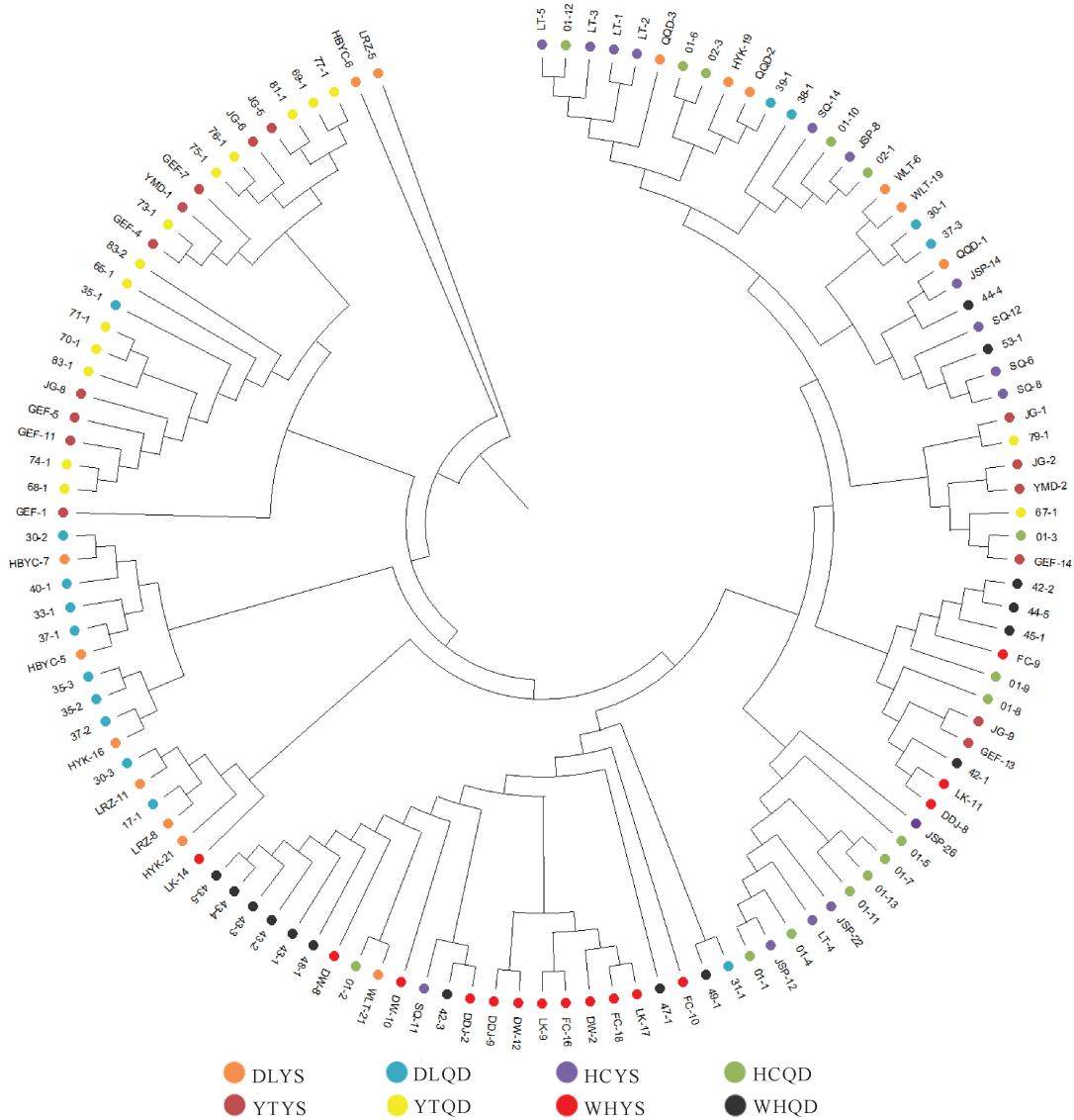


图2 基于个体遗传距离的遗传聚类图

Fig.2 Genetic clustering map based on individual genetic distance

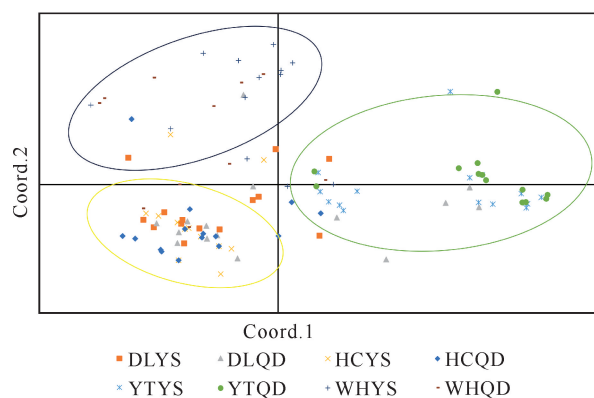
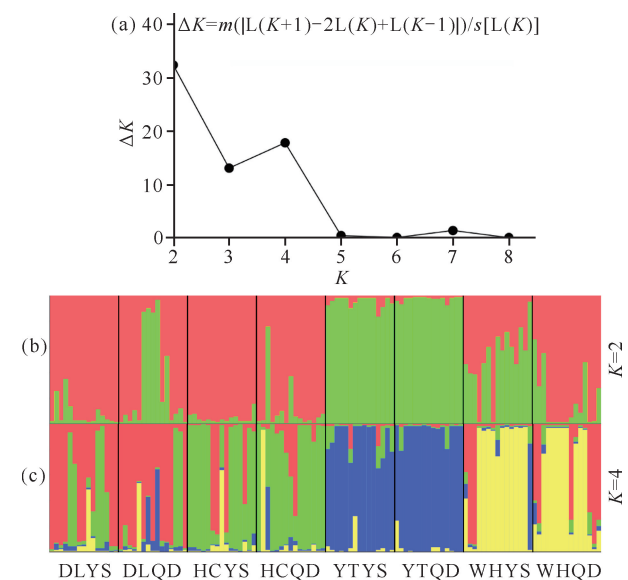


图3 主成分分析结果

Fig. 3 Analysis result of principal component



(a) The relationship between the number of undetermined groups K and the estimated value ΔK ; (b) Population Structure analysis when $K=2$; (c) Population Structure analysis when $K=4$.

图4 Structure 分析结果

Fig. 4 Structure analysis result

3 讨论

3.1 玫瑰种群的遗传多样性

遗传多样性水平是决定种群适应环境能力和进化潜力的重要因素之一^[20]。通常,珍稀濒危植物中孤立且数量较小的种群,其遗传多样性水平较低^[21,22]。物种水平上,野生玫瑰的遗传多样性水平较低(N_a 、 I 、 He 分别为 2.234、0.489 9、0.283 5)。野生种群中,DLYS 种群的遗传多样性最高,HCYS 种群最低;迁地保存种群中,DLQD 种群的遗传多样性最高,WHQD 种群最低。由于种群间的遗传多样性不平衡,部分种群较低的遗传多样性使得整个种群

的遗传多样性水平降低。将野生种群与迁地保存种群分别合并分析,结果显示迁地保存种群的遗传多样性高于野生种群。各种群观测杂合度均小于期望杂合度,说明杂合子缺失($F_{is} > 0$),群体间亲缘关系较近,存在一定程度的近交,生境片断化的遗传效应正逐渐显现^[23]。

影响物种遗传多样性的因素有多种,如人为破坏、地理分布和繁殖方式等^[24]。野生玫瑰在我国分布地比较狭窄,近年来由于农田开垦、经济开发等人为原因破坏严重,种群在逐渐缩小和碎片化。同时,玫瑰种子发育存在缺陷,未经人工干预时繁殖能力低,多数通过地下根茎繁殖产生新个体^[25],这可能是导致其野生种群遗传多样性水平较低的原因。玫瑰在野外通常依靠蜜蜂、蝴蝶等昆虫进行异花授粉,种群间或种群内个体存在频繁的基因交流,因此种子会拥有更高的遗传多样性^[26]。本研究中,迁地保存种群为野生玫瑰的种播苗,这可能是迁地保存种群遗传多样性水平高于野生种群的原因。

3.2 玫瑰种群的遗传结构与分化

植物种群的遗传构成是其在长时间演化过程中,物种的进化历史、分布范围的变化、栖息地的破碎化与种群的适应性变化、繁殖机制、基因交流、自然选择等因素相互作用的结果^[27]。从 Nei's 遗传距离与相似系数来看,8 个玫瑰种群的遗传分化并不明显,遗传相似系数变幅为 0.307 7。分化最大的两个种群 YTQD 与 WHQD,遗传距离和相似系数分别为 0.386 6 与 0.679 4;分化最小的两个种群 HCYS 与 HCQD,遗传距离和相似系数分别为 0.013 0 与 0.987 1。

PCoA 和 Structure 分析结果相似,取样种群最佳遗传学组数 $K=2$,即烟台地区与其他种群存在较大差异,可单独分为一组,其余种群为另一组,说明烟台种群与其他地区种群有明显分化。威海种群较为接近烟台种群,由于威海与烟台地理位置接近,推测两地区种群间存在更为频繁的基因交流,以水为媒介进行繁殖的可能性较大^[28]。DLQD 种群中,部分个体与其他地区个体发生过基因交流,说明对该地区的保护初见成效,遗传多样性趋于丰富。

就某一个物种来说,遗传多样性程度与其适应环境的能力直接关联^[29],遗传变异水平关系到种群的适应能力乃至决定着整个种的进化与生存^[20,30]。本研究中,玫瑰野生种群的 H_t 、 H_s 、 F_{st} 分别为 0.383 4、0.280 3、0.268 9,迁地保存种群的 H_t 、 H_s 、

F_{st} 分别为 0.410 9、0.286 7、0.302 3, 野生种群和迁地保存种群遗传变异主要存在于种群内, 该结果与 Xu 等^[31] 的研究结果一致。在其他植物如广西火桐^[32] (*Erythropsis kwangsiensis*) 和南方红豆杉^[33] (*Taxus wallichiana*) 的迁地保护中, 也出现遗传变异主要存在于种群内而种群间基因流动频率较低的现象, 这可能是由于自然种群地理位置相距过大, 从而限制了种群间的基因交流, 增强了居群内的遗传分化^[34,35]。

4 结束语

本研究采用 SSR 分子标记技术, 分析野生玫瑰种群、迁地保存种群的遗传多样性和遗传结构状况, 并对迁地保护的成效进行评估, 发现野生玫瑰具有较低的遗传多样性和种群间遗传分化水平。这种遗传结构的同质性和分化不明显可能会威胁到物种的长期生存和进化潜能, 而迁地保护对野生玫瑰遗传多样性恢复有较大作用。该结果可为后续野生玫瑰保护策略的制定提供科学依据, 同时对其他野生植物的保护也有借鉴意义。

综合本课题组对野生玫瑰迁地保护工作的开展情况以及对其遗传多样性的分析, 给出以下 3 个建议: 首先, 加强自然栖息地的保护, 包括建立和升级自然保护区, 以及执行严格的管理策略以维护其自然生态系统的完整性。其次, 推进迁地保护工作, 通过人工繁育项目来增加野生玫瑰的种群数量, 同时注意保持物种的遗传多样性。最后, 通过分子生物学手段深入研究野生玫瑰的生活习性、繁殖机制和生态需求, 以便更精确地制定和实施保护策略。

参考文献

- [1] YANG J H, ZHANG S P, LIU J, et al. Genetic diversity of the endangered species *Rosa rugosa* Thunb. in China and implications for conservation strategies [J]. *Journal of Systematics and Evolution*, 2009, 47(6): 515-524.
- [2] 靳亚琦. 不同种源玫瑰 (*Rosa rugosa*) 群体开花相关基因的遗传分化研究[D]. 济南: 山东大学, 2021.
- [3] 金飞宇, 束华杰, 刘建, 等. 玫瑰种群生物学研究进展 [J]. *生态学报*, 2016, 36(11): 3156-3166.
- [4] 陈建军, 刘毅, 吴景才, 等. 野生玫瑰濒危机理的研究 [J]. *吉林林业科技*, 2008, 37(2): 1-6.
- [5] PRIMACK R B, 马克平, 蒋志刚. 保护生物学 [M]. 北京: 科学出版社, 2014.
- [6] 张凯强, 王焜尘, 陆婷, 等. 迁地保护区珍稀濒危植物夏蜡梅的保护研究 [J]. *陕西农业科学*, 2023, 69(4): 71-74.
- [7] 邓丽丽, 唐健民, 邹蓉, 等. 广西崇左叉叶苏铁野生和迁地保护种群的遗传多样性比较分析 [J]. *广西科学*, 2023, 30(6): 1101-1109.
- [8] 夏德美, 姚洪锡. 野生玫瑰种质资源分布现状及预测 [J]. *杨凌职业技术学院学报*, 2023, 22(4): 13-15.
- [9] 周秀娟. 野生玫瑰两个品系果实品质特性的比较分析与评价 [D]. 延吉: 延边大学, 2017.
- [10] 何雨, 董画, 薛桂新. 野生玫瑰果类胡萝卜素含量变化及其色泽相关性分析 [J]. *食品科技*, 2018, 43(9): 95-99.
- [11] 侯秋梅, 周洪英. 玫瑰种质资源及杂交育种研究现状 [J]. *贵州农业科学*, 2022, 50(1): 14-22.
- [12] 冯立国. 玫瑰野生种质资源评价及其与栽培种质亲缘关系的研究 [D]. 泰安: 山东农业大学, 2007.
- [13] 姜丽媛. 濒危植物野生玫瑰种质资源评价与核心种质构建 [D]. 泰安: 山东农业大学, 2018.
- [14] ZHU X L, ZOU R, QIN H Z, et al. Genome-wide diversity evaluation and core germplasm extraction in *ex situ* conservation: a case of golden *Camellia tunghinensis* [J]. *Evolutionary Applications*, 2023, 16(9): 1519-1530.
- [15] PEAKALL R, SMOUSE P E. GenAlEx 6. 5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research: an update [J]. *Bioinformatics*, 2012, 28(19): 2537-2539.
- [16] YEH F, YANG R C, BOYLE T, et al. POPGENE, version 1. 32: the user friendly software for population genetic analysis [J]. *Computer Science, Biology*, 1999: 64471650.
- [17] UMAR S, STECHER G, TAMURA K. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7. 0 for bigger datasets [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2016, 33(7): 1870-1874.
- [18] PRITCHARD J K, STEPHENS M, DONNELLY P. Inference of population structure using multilocus genotype data [J]. *Genetics*, 2000, 155(2): 945-959.
- [19] 夏峰梅. 基于转录组信息的玫瑰 SSR 标记开发及野生玫瑰遗传多样性分析 [D]. 泰安: 山东农业大学, 2016.
- [20] FRANKHAM R, BALLOU J D, BRISCOE D A. Introduction to conservation genetics [M]. Cambridge: Cambridge University Press, 2002: 182-183.
- [21] GAO Q B, LI Y, GENGJI Z M, et al. Population genetic differentiation and taxonomy of three closely related species of *Saxifraga* (Saxifragaceae) from southern Tibet and the Hengduan Mountains [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2017, 8: 1325.

- [22] SPIELMAN D, BROOK B W, FRANKHAM R. Most species are not driven to extinction before genetic factors impact them [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2004, 101(42):15261-15264.
- [23] 曹毓蓉, 马永鹏, 张秀姣, 等. 基于 SNP 分子标记的波叶杜鹃遗传特征分析[J]. 云南大学学报(自然科学版), 2022, 44(4):859-869.
- [24] NYBOM H. Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants [J]. Molecular Ecology, 2004, 13(5):1143-1155.
- [25] 陈建军, 刘毅, 吴景才, 等. 野生玫瑰濒危机理的研究[J]. 吉林林业科技, 2008, 37(2):1-6.
- [26] 杨鹏, 何志, 胡军和, 等. 种子传播提高生物多样性的机制[J]. 植物保护学报, 2023, 50(5):1244-1253.
- [27] SCHAAL B A, HAYWORTH D A, OLSEN K M, et al. Phylogeographic studies in plants: problems and prospects [J]. Molecular Ecology, 1998, 7(4):465-474.
- [28] 王晶晶. 基于全基因组重测序的玫瑰群体结构及遗传多样性分析[D]. 北京: 中国农业科学院, 2023.
- [29] HAMRICK J L, GODT M W. Effects of life history traits on genetic diversity in plant species [J]. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, 1996, 351(1345):1291-1298.
- [30] STEFENON V M, GAILING O, FINKELDEY R. Genetic structure of plantations and the conservation of genetic resources of Brazilian pine (*Araucaria angustifolia*) [J]. Forest Ecology and Management, 2008, 255(7):2718-2725.
- [31] XU J J, ZANG F Q, WU Q C, et al. Analysis of the genetic diversity and molecular phylogeography of the endangered wild rose (*Rosa rugosa*) in China based on chloroplast genes [J]. Global Ecology and Conservation, 2021, 28:e01653.
- [32] 骆文华, 代文娟, 刘建, 等. 广西火桐自然种群和迁地保护种群的遗传多样性比较[J]. 中南林业科技大学学报, 2015, 35(2):66-71.
- [33] 李乃伟, 贺善安, 束晓春, 等. 基于 ISSR 标记的南方红豆杉野生种群和迁地保护种群的遗传多样性和遗传结构分析[J]. 植物资源与环境学报, 2011, 20(1):25-30.
- [34] 文菁, 范嗣刚, 李海鹏, 等. 南海 4 个花刺参地理群体的遗传多样性研究[J]. 水产科学, 2018, 37(3):404-408.
- [35] 庞兴宸, 陈景锋, 孙芝倩, 等. 广州兰圃公园兰花种质资源迁地保护[J]. 中国野生植物资源, 2020, 39(9):80-90.

Study on the Effect of Genetic Diversity Protection of Wild Rose *rugosa Ex Situ* Conservation Population

WANG Haoran¹, XIE Xiaoman², TONG Boqiang², LIU Dan², MA Yan¹, ZANG Dekui¹, WU Qichao^{1**}

(1. Key Laboratory of Afforestation in the Lower Reaches of the Yellow River, National Forestry and Grassland Administration, Forestry College, Shandong Agricultural University, Tai'an, Shandong, 271018, China; 2. Center for Forest and Grass Genetic Resources of Shandong Province, Jinan, Shandong, 250014, China)

Abstract: Wild rose (*Rosa rugosa*) has important economic value, ecological value and breeding value, and it is listed as a national second-class key protected wild plant. Understanding the genetic diversity and genetic structure of wild populations and *ex situ* conservation populations of *R. rugosa* can provide guidance for the protection and management of its germplasm resources. In this study, the effectiveness of *ex situ* conservation of wild *R. rugosa* was evaluated based on SSR molecular markers. The results showed that the genetic diversity of the wild rose population in Dalian, Liaoning Province was the highest, while that in Hunchun, Jilin Province was the lowest. The total genetic variation (H_t) of the wild population was 0.3834, the genetic variation (H_s) within the population was 0.2803, and the genetic differentiation coefficient (F_{st}) between pop-

ulations was 0.268 9. The genetic variation mainly existed within the population. The observed heterozygosity (H_o) of each population was less than the expected heterozygosity (H_e), and the heterozygotes were missing ($F_{is} > 0$). The genetic relationship between populations was close, and there was a certain degree of inbreeding. The number of alleles (N_a), Shannon's diversity index (I), observed heterozygosity (H_o) and expected heterozygosity (H_e) of the combined *ex situ* conservation population were higher than those of the wild population. The above results show that the genetic diversity of *ex situ* conservation population is higher than that of wild population. The *ex situ* conservation of wild rose has a positive effect on the recovery of genetic diversity of its population, and the effect of *ex situ* conservation is better, which can provide a reference for other wild plants to carry out *ex situ* conservation.

Key words: wild rose; relocation protection; effectiveness evaluation; genetic diversity; genetic structure; SSR

责任编辑:陆媛峰



微信公众号投稿更便捷

联系电话:0771-2503923

邮箱:gxkxyxb@gxas.cn

投稿系统网址:<http://gxkx.ijournal.cn/gxkxyxb/ch>