

地理居群和地形对伊犁绢蒿 遗传多样性的影响

侯钰荣, 安沙舟, 刘冬, 王卫, 徐彩芹

(新疆农业大学草业与环境科学学院 新疆草地资源与生态重点实验室, 新疆 乌鲁木齐 830052)

摘要: 对不同地理居群和不同地形的 160 株伊犁绢蒿 (*Seriphidium transiliense*) 个体进行 SRAP 分析, 以期为伊犁绢蒿遗传资源的有效利用提供理论依据。试验结果表明, 1) 伊犁绢蒿种群的多态位百分率为 78.43%; 2) 不同地理居群的伊犁绢蒿各居群间没有明显的分界点, 说明地理距离差异对伊犁绢蒿遗传分化物质的影响较小; 3) 不同地形的伊犁绢蒿可以聚为 2 类, 将阳坡和平原聚为一类, 阴坡和丘陵聚为一类。由结果可见, 地形对伊犁绢蒿遗传物质分化的影响较大。

关键词: 地理居群; 地形; 遗传多样性; 伊犁绢蒿

中图分类号: S540.3; Q948

文献标识码: A

文章编号: 1001-0629(2011)01-0094-06

*¹ 伊犁绢蒿 (*Seriphidium transiliense*) 是新疆北疆荒漠地区最主要的牧草资源, 是我国野生牧草资源遗传育种和生物技术研究的重要物质基础, 是生物多样性的重要组成部分。近年来, 不少学者针对伊犁绢蒿的生物学特性、生育规律、生理生态特性及繁殖等进行了大量的研究, 但有关伊犁绢蒿种群的分子生物学方面的研究较少。遗传多样性是指某一物种群体中的可遗传物质的差别程度^[1]。目前, 遗传多样性在农作物^[2-5]、蔬菜^[6-7]、果木^[8-9]、花卉^[10-11]、药材^[12-13]、牧草^[14-16]中的应用有大量文献报道, 但对菊科植物关于遗传多样性方面的研究较少, 仅在个别花卉品种和蒿属植物中有研究。蒿属植物以冷蒿 (*Artemisia frigida*)^[17-18]、青蒿 (*A. carvifolia*)^[19] 和萎蒿 (*A. selengensis*)^[20] 为例, 其他植物鲜见有报道。

对植物种群的遗传分化和遗传多样性研究以往多采用 ISSR 方法^[21], 而相关序列扩增多态性 (Sequence-related amplified polymorphism, SRAP) 是一种新型的基于 PCR 扩增的标记系统, 标记采用长 17~18 bp 的引物对开放阅读框 (ORFs) 进行扩增, 因不同物种的内含子、启动子与间隔长度不等而产生多态性^[22]。与其他分子标记相比, 该标记有稳定可靠、多态性高、共显性高、产率中等; 在基因组中分布均匀、易测序、引物具有通用性、操作简单、成本低廉等优点^[23-24]。利用 SRAP 分子标记方法, 对伊犁绢蒿在不同生境的遗传多样性进行了研究, 初步从

分子水平了解伊犁绢蒿种群对生境和地形的响应, 为探讨伊犁绢蒿种群的分子水平对环境的生态适应性提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 供试材料的准备 本试验材料共计 5 个居群, 160 个个体。样地路线选择从伊犁河谷西部的察布查尔县开始, 路经新源县、沙湾县、乌鲁木齐市, 以奇台县为落脚点。为了取到具有代表性的样品, 首先将阳坡、阴坡、平原和丘陵从地貌类型上划分开, 在选择样地时, 阳坡和阴坡都选择在山体明显地段, 平原都选择在山前冲积扇处, 而丘陵地带选择在地势起伏不大, 基本分不出阴阳坡的地带上, 且在每个地理居群的不同坡向 (以实际地形为准, 包括阳坡、阴坡、平原和丘陵), 选择生长健康的植株 10 株, 即同一生境共采样 30 株 (除新源县为 40 株)。单株距离 > 10 m, 采其绿叶及花蕾共 5~10 g, 记号标签, 放入密封袋, 保存在冰盒内 (底部有冰袋, 内部温度 < 5 ℃), 带回实验室供试验分析。

1.2 SDS-CTAB 法 DNA 的提取 采用 SDS-CTAB 法提取叶片基因组 DNA^[25-28], 提取的部分结果见图 1。储存缓冲液配备如表 1。

* 收稿日期: 2010-02-23 接受日期: 2010-04-27
基金项目: 教育部高等学校博士学科点专项科研基金项目 (20096504110002); 新疆草地资源与生态重点实验室开放课题 (XJDX0209-2007-05)
作者简介: 侯钰荣 (1982-), 女, 新疆玛纳斯人, 在读博士生, 从事草地资源与生态研究。
E-mail: houyurong0994@sina.com
通信作者: 安沙舟 E-mail: xjasz@126.com

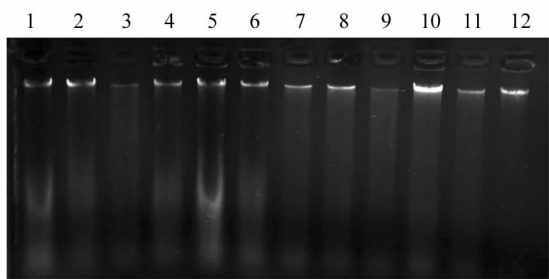


图1 伊犁绢蒿基因组 DNA 电泳图

表1 SDS-CTAB 缓冲液的配制

类项	剂量及药品名
溶液 A 50 mL	100 mmol/L Tris-HCl(pH 值 8.0)
	50 mmol/L EDTA(pH 值 8.0)
	1 mol/L NaCl
	2% SDS
	2% PVP 40
	蒸馏水
溶液 B 25 mL	100 mmol/L Tris-HCl(pH 值 8.0)
	50 mmol/L EDTA(pH 值 8.0)
	1 mol/L NaOH
	10% CTAB
	蒸馏水
	1% β-巯基乙醇
	20% CTAB

具体提取步骤如下:1)称取各样品 0.2 g,放入研钵中,在液氮下迅速磨成粉末,将粉末转入 50 mL Beckman 离心管中,加入 0.8 mL 65 ℃ 预热的 CTAB 缓冲液(A 液),质量分数 1% 的 β-巯基乙醇 40~50 μL,用玻璃棒搅拌使其混匀。2)在 65 ℃ 下水浴加热 50 min,期间摇匀 2 次。3)水浴后,加 5 mol/L KAc 300 μL,冰浴 60 min 平衡后 12 000 r/min 离心 10 min,取上清液 0.8 mL,加 B 液 200 μL,均匀水浴 20 min,室温冷却。4)加入 500 μL 氯仿异戊醇(24 : 1),轻轻倒转摇动 10 min,平衡后 12 000 r/min 离心 5 min。重复 2 次。5)取上清液 500 μL(不能吸到分界面),加水冷的异丙醇 500 μL,-20 ℃ 冰箱放置 60 min 以上,平衡后 6 000 r/min 离心 5 min,弃上清。6)沉于管底的 DNA 用 70% 乙醇洗涤 2~3 次,风干加 ddH₂O(双蒸水) 40 μL,加 1/10 体积 3 mol/L NaCl(pH 值 5.2) 20 μL,乙醇 400 μL,-20 ℃ 放置 10 min,6 000 r/min 离心,将 DNA 真空抽干。7)将 DNA 沉淀溶于 50~

100 μL 的 TE 缓冲液中,-20 ℃ 下保存备用。
从样品中提取的基因组 DNA 经过紫外分光光度计检测,将 DNA 浓度稀释至 50 ng/μL,放入-20 ℃ 冰箱中保存备用。

1.3 SRAP 反应体系的建立 一个标准 PCR 反应体系包括: 0.2 mmol/L dNTPs, 1.5 mmol/L MgCl₂, 0.3 μmol/L 引物, 1 U TaqDNA 聚合酶, 30 ng 模板 DNA, 最后加 ddH₂O 补充体积至 25 μL。PCR 反应采用复性变温法: 开始 94 ℃ 变性 5 min, 之后的 35 个循环在 94 ℃ 变性 1 min, 35 ℃ 退火 1 min, 72 ℃ 延伸 1~2 min, 最后 72 ℃ 延伸 5~7 min 进行。4 ℃ 终止反应并保存。

1.4 引物的筛选 从现有的 97 个引物中逐一进行筛选,最后选出 21 条扩增条带清晰,重复性较好且稳定的引物对伊犁绢蒿 160 个样品进行 DNA 扩增。上游和下游自由组合结果序号为 18、24、27、38、41、42、49、72、79、80、81、82、84、87、89、107、108、110、117、119、120;选用的引物序列号如表 2。

表2 用于 SRAP 分析的标准引物

类项	引物名称	引物序列
正向引物	me1	5' TGAGTCCAAACCGGATA-3'
	me2	5' TGAGTCCAAACCGGAGC-3'
	me3	5' TGAGTCCAAACCGGAAT-3'
	me4	5' TGAGTCCAAACCGGACC-3'
	me5	5' TGAGTCCAAACCGGAAG-3'
	me6	5' TGAGTCCAAACCGG TAA-3'
	me7	5' TGAGTCCAAACCGGTCC-3'
	me8	5' TGAGTCCAAACCGGTGC-3'
反向引物	em1	5' GACTGCGTACGAATTAAT-3'
	em2	5' GACTGCGTACGAATTTGC-3'
	em3	5' GACTGCGTACGAATTGAC-3'
	em4	5' GACTGCGTACGAATTTGA-3'
	em5	5' GACTGCGTACGAATTAAC-3'
	em6	5' GACTGCGTACGAATTGCA-3'
	em7	5' GACTGCGTACGAATTCAA-3'
	em8	5' GACTGCGTACGAATTCTG-3'
	em9	5' GACTGCGTACGAATTCTGA-3'
	em10	5' GACTGCGTACGAATTTCAG-3'
	em11	5' GACTGCGTACGAATTCCA-3'
	em12	5' GACTGCGTACGAATTGTC-3'
	em13	5' GACTGCGTACGAATTGGT-3'
	em14	5' GACTGCGTACGAATTTCAG-3'
	em15	5' GACTGCGTACGAATTCTG-3'
	em16	5' GACTGCGTACGAATTTCG-3'
	em17	5' GACTGCGTACGAATTCCA-3'

1.5 聚丙烯酰胺凝胶电泳检测

1.5.1 溶液配制

- 1)30%非变性聚丙烯酰胺母液:丙烯酰胺为亚甲基双丙烯酰胺(29:1)。丙烯酰胺 290 g 亚甲基双丙烯酰胺 10 g 加 ddH₂O 定容至 1 000 mL (定性滤纸过滤 4 ℃ 放置)放置备用。
- 2)5×TBE(pH 值为 8.0)母液: 54 g Tris-base, 27.5 g 硼酸, 20 mL 0.5 mol/L EDTA, 加 ddH₂O 定容至 1 000 mL 放置备用。
- 3)质量分数 10%(NH₄)₂S₂O₈ 液(APS, 过硫酸铵):1 g(NH₄)₂S₂O₈ 定容至 10 mL, -20 ℃ 放置备用。
- 4)质量分数 1% Na₂S₂O₃ 溶液 100 mL:1 g Na₂S₂O₃ 定容至 100 mL, 4 ℃ 放置备用。
- 5)固定/终止液配方 1 L: 5 mL 冰乙酸, 100 mL 无水乙醇, 加 ddH₂O 定容至 1 000 mL 放置备用。
- 6)染色液 1 L: 质量分数 0.2%的 AgNO₃ 溶液。
- 7)显色液 1 L: 质量分数 1.4%的 NaOH 溶液使用前加入 10.0 mL 37%甲醛。

- 8)终止显色液 1 L: 质量分数 0.75% Na₂CO₃。
- 9)质量分数 10%的非变性聚丙烯酰胺凝胶的配置:13.3 mL 30%非变性聚丙烯酰胺母液, 10 mL 5×TBE, 700 μL APS, 50 μL TEMED(四甲基乙二胺), 25.5 mL ddH₂O。

1.5.2 非变性聚丙烯酰胺凝胶检测 PCR 产物上样量为 3.0 μL;恒压电泳 60~80 min。

1.5.3 银染检测程序 1)电泳结束,用蒸馏水洗胶 2~3 min,加固定液固定 10 min,轻轻摇动,直至染料消失;2)用蒸馏水洗胶 2 次,加入染色液染色 20 min,过程中轻轻摇动;3)用蒸馏水洗胶 1 次,加入显色液中直至条带清晰出现即可;4)条带清晰后,将显色液倒出,加入 0.75%Na₂CO₃ 终止显色;5)取出胶片用保鲜膜包裹,记录编号并照相,对每个引物在每个样品产生的条带进行统计记录,在相同迁移率位置上有 DNA 条带的记为“1”,无 DNA 条带的记为“0”。

1.6 数据处理 试验数据用 PopGene32 软件完成遗传多样性供试样品多态性的检测统计分析(表 3),用 UPGMA 进行聚类分析。

表 3 SRAP 引物配对明细表

	+1	+2	+3	+4	+5	+6	+7	+8	+9	+10	+11	+12	+13	+14
-1	1	12	23	34	45	56	67	78	—	—	—	—	—	—
-2	2	13	24	35	46	57	68	79	—	—	—	—	—	—
-3	3	14	25	36	47	58	69	80	—	—	—	—	—	—
-4	4	15	26	37	48	59	70	81	—	—	—	—	—	—
-5	5	16	27	38	49	60	71	82	—	—	—	—	—	—
-6	6	17	28	39	50	61	72	83	—	—	—	—	—	—
-7	7	18	29	40	51	62	73	84	—	—	—	—	—	—
-8	8	19	30	41	52	63	74	85	—	—	—	—	—	—
-9	9	20	31	42	53	64	75	86	—	—	—	—	—	—
-10	10	21	32	43	54	65	76	87	—	—	—	—	—	—
-11	11	22	33	44	55	66	77	88	—	—	—	—	—	—
-12	89	95	101	107	113	119	125	131	137	143	149	155	161	167
-13	90	96	102	108	114	120	126	132	138	144	150	156	162	168
-14	91	97	103	109	115	121	127	133	139	145	151	157	163	169
-15	92	98	104	110	116	122	128	134	140	146	152	158	164	170
-16	93	99	105	111	117	123	129	135	141	147	153	159	165	171
-17	94	100	106	112	118	124	130	136	142	148	154	160	166	172

注:“+”代表上游引物,“-”代表下游引物,“—”代表未配对。

2 结果与分析

2.1 多态位点分析 21 个引物对不同地理居群和不同地形的伊犁绢蒿的 160 个 DNA 样品进行扩增(图 2),共扩增出 153 个条带,平均每个引物扩增出 7.3 个条带。其中,有 120 条重复性高、清晰的多态性条带,扩增片段的大小均在 1 000 bp 以下,多态

位点的百分率为 78.43%。不同的引物组合扩增的多态性带数明显不同,21 对引物扩增的多态性带数范围从 5 条(me3+em2)到 55 条(me7+em6)不等,而同一引物组合在不同群体扩增的多态性带数基本相同。

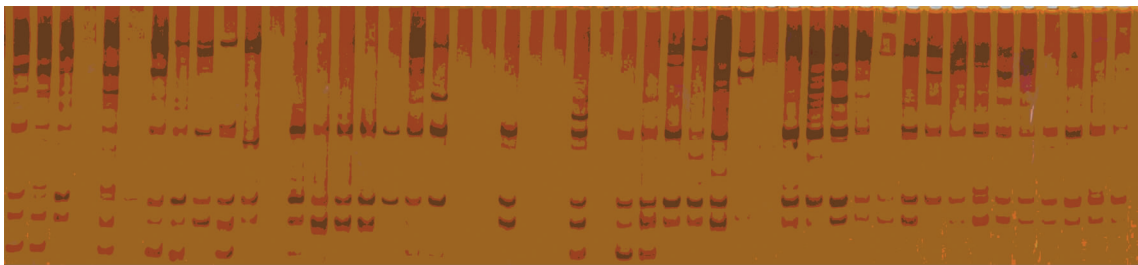


图 2 引物 18 对样品 49~96 的扩增结果

2.2 不同地理居群间遗传多样性聚类分析

伊犁绢蒿 5 个居群间的遗传聚类结果见图 3,5 个居群基本被聚为 2 组,一组为察布查尔县和奇台县,另一组为沙湾县、乌鲁木齐市和新源县,但从遗传距离来看,没有明显的分界点;说明地理距离差异对伊犁绢蒿遗传分化物质的影响较小。同时也说明,荒漠区降水量的细微差别对伊犁绢蒿种群的遗传特性影响不大。

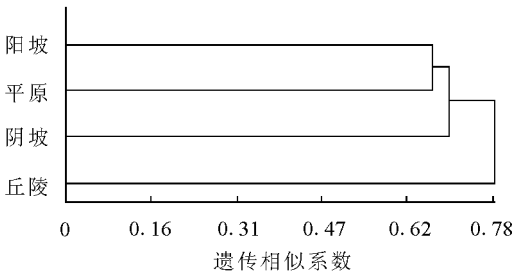


图 4 不同地形间伊犁绢蒿居群间聚类分析

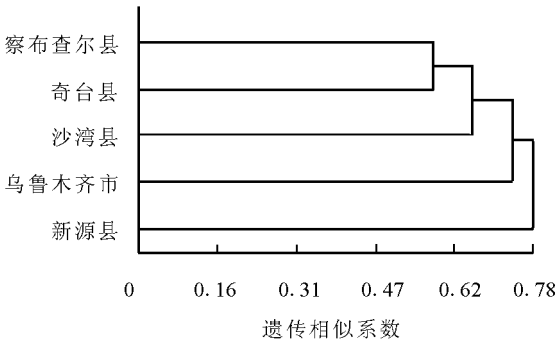


图 3 不同生境间伊犁绢蒿居群间聚类分析

2.3 不同地形居群间遗传多样性聚类分析

不同地形的伊犁绢蒿聚为 2 类,将阳坡和平原聚为一类,阴坡和丘陵聚为一类(图 4)。这表明,接受光照时间长、光照强度大、地表温度较高的阳坡和平原分化明显,而阴坡和丘陵地带接受光照和地表温度较相似,聚为一类。说明地形对伊犁绢蒿遗传物质的分化有重要影响。

3 讨论与结论

伊犁绢蒿在分类上属于菊科植物,在新疆草地中主要出现在干旱和半干旱的荒漠区,生活型是小半灌木,实生苗是其种群更新的主要繁育系统,在群落的演替系列上,存在于演替的各个阶段,特别是在草地重度放牧下,由荒漠草地的建群种演替为伴生种或偶见种。伊犁绢蒿在时空变化上广泛分布,面临的环境差异也很大,个体和种群数目多,适应幅度大,基因交流频繁,因此维持遗传变异的能力强,产生新的遗传变异的机会也多,这都有利于其增加遗传多样性水平。Grant^[29]、Millar 和 Libby^[30]都认为一个物种的进化潜力和抵御不良环境的能力取决于遗传多样性水平的高低。因此,伊犁绢蒿较高的遗传多样性水平是其耐啃食、耐践踏、耐干旱、耐贫瘠、再生生长能力强的遗传基础。

通过 SRAP 分子标记对不同地理居群和不同

地形的伊犁绢蒿天然居群的研究表明,伊犁绢蒿种群的多态位百分率为 78.43%,随着生境的改变,伊犁绢蒿遗传多态位点数变化不大,地形的改变对伊犁绢蒿遗传多态位点数有一定影响,与其他采用 SRAP 标记进行检测的植物多态性百分率有差异,如新疆野苹果(*Malus sieversii*)($P=98.56\%$)^[21]、多花黑麦草(*Lolium multiflorum*)($P=77.09\%$)^[31]、不结球白菜(*Brassica pestris* ssp. *chinensis*)($P=41.86\%$)^[32]、苎麻(*Boehmeria nivea*)($P=85.54\%$)^[33]等。与之相比,伊犁绢蒿的遗传多样性水平属于中等。但与牧草相比,伊犁绢蒿遗传多样性具有相似性,这与牧草的生活特性也有一定的相关性。本研究表明,遗传距离和地理距离两者之间的关系不明显。这与 Cui 等^[34]对松嫩草原羊草(*Leymus chinensis*)、穆立菁和刘赢男^[35]对紫椴(*Tilia amurensis*)种群的研究结果基本一致,均显示遗传距离与地理距离间不存在显著的相关性。遗传距离受地形因素影响鲜见有报道。

目前,由于在不同的种、不同个体间具有一定得多态性 SPAP 技术已经成功用于种质资源的鉴定与评价工作^[36]。对同一植物材料在分子标记方法上进行遗传多样性和形态学对比已有大量报道,尤其在蔬菜方面更是成熟,结果均表明 SRAP 标记比 AFLP、RAPD、SSR 等方法更能提供优良信息。但关于牧草方面的研究还远远不够,有待于深入研究。

参考文献

- [1] 丁玲,陈发棣,房伟民. 菊属 8 个种 27 份材料遗传多样性的同工酶分析[J]. 西北植物学报, 2007, 27(2): 249-256.
- [2] 胡根海,胡海燕. 用 SSR 标记分析高油栽培大豆品种的遗传多样性[J]. 江西农业大学学报, 2008, 30(4): 638-642.
- [3] 姜伟,朱宏波,何觉民. 不同来源棉花种质资源遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 棉花学报, 2008, 20(5): 348-353.
- [4] 陈志石,陈夕军,熊如意,等. 江苏水稻品种抗稻瘟病遗传多样性研究[J]. 南京农业大学学报, 2008, 31(3): 77-80.
- [5] 李武,倪薇,林忠旭,等. 海岛棉遗传多样性的 SRAP 标记分析[J]. 作物学报, 2008, 34(5): 893-898.
- [6] 黄如葵,孙德利,张曼,等. 苦瓜遗传多样性的形态学性状聚类分析[J]. 广西农业科学, 2008, 39(3): 351-356.
- [7] 洪雨顺,杨德. 辣椒种质资源遗传多样性保护和利用研究进展[J]. 中国农学通报, 2006, 22(2): 358-360.
- [8] 郭传友,黄坚钦,王正加,等. 山核桃种质资源遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 激光生物学报, 2007, 16(4): 405-410.
- [9] Chen X S, Feng T, Zhang Y M. Genetic diversity of volatile components in Xinjiang wild apple (*Malus sieversii*)[J]. Journal of Genetics and Genomics, 2007, 34(2): 171-179.
- [10] 韩洁,胡楠,李玉阁,等. 菊花品种资源遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 园艺学报, 2007, 34(4): 1041-1046.
- [11] 缪恒彬,陈发棣,赵宏波,等. 应用 ISSR 对 25 个小菊品种进行遗传多样性分析及指纹图谱构建[J]. 中国农业科学, 2008, 41(11): 3735-3740.
- [12] 徐文斌,郭巧生,王长林. 药用菊花遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 中国中药杂志, 2006, 31(1): 18-21.
- [13] 葛淑俊,李广敏,马峙英,等. 甘草野生种群遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 中国农业科学, 2009, 42(1): 47-54.
- [14] 曾兵,张新全,范彦,等. 鸭茅种质资源遗传多样性的 ISSR 研究[J]. 遗传, 2006, 28(9): 1093-1100.
- [15] 卢萍,赵萌莉,韩国栋,等. 内蒙古西部地区砂珍棘豆遗传多样性分析[J]. 内蒙古农业大学学报, 2007, 38(2): 160-165.
- [16] 郭海林,刘建秀,周志芳,等. 结缕草属植物种间关系和遗传多样性的 SSR 标记分析[J]. 草地学报, 2008, 16(6): 552-558.
- [17] 王静,杨持,尹俊,等. 冷蒿种群在放牧干扰下遗传多样性的变化[J]. 生态学报, 2004, 24(11): 2464-2471.
- [18] 宛涛,蔡萍,张辰波,等. 内蒙古不同生态地区冷蒿居群遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 西北农林科技大学学报, 2008, 36(2): 165-174.
- [19] 陈大霞,李隆云,瞿显友,等. 青蒿种质资源遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 分子植物育种, 2007, 5(6S): 52-56.
- [20] 李双梅,郭宏波,黄新芳,等. 萎蒿 DNA 提取、RAPD 优化及引物筛选初报[J]. 农业生物技术科学, 2006, 22(4): 78-80.
- [21] 张春雨,陈学森,林群,等. 新疆野苹果群体遗传结构和遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 园艺学报, 2009, 36(1): 7-14.
- [22] 路娟,张绍铃,刘庆忠,等. 樱桃 SRAP-PCR 体系优化及其遗传多样性分析[J]. 果树学报, 2009, 26(2): 163-169.
- [23] Li G, Quiros C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), A new marker system based on a

- simple PCR reaction; its application to mapping and gene tagging in *Brassica*[J]. *Theory Application Genetic*, 2003, 107(1): 168-180.
- [24] 谭碧,王源秀,徐立安. 杨树基因组 SRAP 扩增体系的建立与优化[J]. *应用研究*, 2009, 23(2): 25-29.
- [25] Nei M, Li W H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases [J]. *Proceeding of National Academy of Science of the USA*, 1985, 76: 5269-5273.
- [26] Keim P, Shoemaker R C. A rapid protocol for isolating soybean DNA[J]. *Soybean Genetics Newsletter*, 1988, 15(1): 150-152.
- [27] 陈旭辉,高玉葆,朱敏杰,等. 小叶锦鸡儿基因组 DNA 的提取及 AFLP 反应体系的建立[J]. *植物研究*, 2009, 29(5): 529-533.
- [28] 徐秋华,张献龙,聂以春,等. 我国棉花抗枯萎病品种的遗传多样性分析[J]. *中国农业科学*, 2002, 35(3): 272-276.
- [29] Grant V. *The Evolutionary Process: A Critical Study of Evolutionary Theory*[M]. New York: Columbia University Press, 1991: 102-111.
- [30] Millar C I, W J Libby. Strategies for conserving clinal, ecotypic, and disjunct population diversity in widespread species[A]. In: Falk D A, Holsinger K E. *Genetics and Conservation of Rare Plants*[C]. New York: Oxford University Press, 1991: 149-170.
- [31] 季杨,张新全,马啸,等. 多花黑麦草品种(系)间杂交及其杂种后代 SRAP 遗传分析[J]. *草业学报*, 2009, 18(4): 260-265.
- [32] 单晓政,侯喜林,李英,等. 不结球白菜 SRAP 体系优化与品种聚类分析[J]. *江苏农业学报*, 2009, 25(3): 610-615.
- [33] Liu L J, Peng D X, Wang B. Genetic relation analysis on Ramie *Boehmeria nivea* (L.) Gaud. inbred lines by SRAP markers [J]. *Agricultural Science in China*, 2008, 7(8): 944-949.
- [34] Cui J Z, Zu Y G, Nie J L, et al. Genetic differentiation of *Leymus chinensis* populations in Songnen grassland [J]. *Bulletin of Botanical Research*, 2001, 21: 116-215.
- [35] 穆立蕾,刘赢男. 不同地理分布区紫椴种群的遗传多样性变化 [J]. *植物生态学报*, 2007, 31(6): 1190-1198.
- [36] 陈福. 新型标记 SRAP 及其在草业研究中的应用前景[J]. *草业与畜牧*, 2007(7): 1-4.

Influence of differently geographical populations and terrains on genetic diversity of *Seriphidium transiliense*

HOU Yu-rong, AN Sha-zhou, LIU Dong, WANG Wei, XU Cai-qing

(College of Grassland and Environment Science, Xinjiang Agricultural University;

Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology of Xinjiang, Xinjiang Urumqi 830052, China)

Abstract: The 160 plants of *Seriphidium transiliense* with the different geographical population growing at different terrains was used to screen the genetic diversity by SRAP technical analysis for providing the useful information for utilization this plant resource. The results of this study showed the percentage of polymorphism loci of *S. transiliense* population was 78.43. This study also indicated that the obvious demarcation point was not found among the different geographical population of *S. transiliense*, implying that the difference in geographical distance between *S. transiliense* populations did not affect the hereditary substance of *S. transiliense*. However, 160 plants were clustered into two groups, and one group consisted of sunny slope and plain populations, the other group consisted of shady slope and hilly populations, indicating that terrain showed a greatly effect on the hereditary substance of *S. transiliense*.

Key words: geographical population; terrains; genetic diversity; *Seriphidium transiliense*