

新疆6个天然居群野生沙棘果实性状多样性研究

余天蓝¹,程功¹,曼苏尔·那斯尔¹,赵世荣¹,牛莹莹¹,赵英²,廖康^{1*}

(¹新疆农业大学特色果树研究中心,乌鲁木齐 830052; ²新疆林业厅,乌鲁木齐 830000)

摘要:【目的】揭示新疆不同居群野生沙棘资源的遗传多样性和变异规律,为其开发利用和保护提供参考。【方法】对新疆阿勒泰、伊犁、阿克苏等地野生沙棘共6个居群48个单株的8个果实性状进行测量,采用变异系数、多样性指数、巢式方差分析、主成分分析等方法对其多样性进行分析。【结果】新疆野生沙棘果实性状在居群内和居群间存在丰富的多样性,居群间果实性状分化均值为37.23%,小于居群内的62.77%;性状分化系数最大的是总酸含量(65.57%),最小的是果肉颜色(5.83%)。Simpson指数和Shannon-weaver指数均为哈巴河居群最大。果实性状平均变异系数为40.11%,变异幅度为21.77%~74.34%,各性状变异系数之间差异较大,其中果实颜色平均变异系数最大(74.34%),总糖含量平均变异系数最小(21.77%)。果实颜色、种子颜色、总酸含量、总糖含量前4个主成分累计贡献率为81.46%。【结论】新疆野生沙棘果实性状存在较高的差异及分化,果实颜色的性状变异最大;居群内的变异是新疆野生沙棘果实性状变异的主要来源;哈巴河居群果实性状多样性最丰富,果实性状差异主要体现在果实颜色、种子颜色、总酸含量、总糖含量等。

关键词:新疆野生沙棘;天然居群;果实性状;多样性

中图分类号:S793.6

文献标志码:A

文章编号:1009-9980(2018)05-0548-09

Study on fruit diversity of wild seabuckthorn in Xinjiang

YU Tianlan¹, CHENG Gong¹, MANSUR Nasir¹, ZHAO Shirong¹, NIU Yingying¹, ZHAO Ying², LIAO Kang^{1*}

(¹Featured Fruit Tree Research Center, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, Xinjiang, China; ²The Forestry Department of Xinjiang, Urumqi 830000, Xinjiang, China)

Abstract: 【Objective】China is not only the most abundant place of the sea buckthorn plant germplasm resources, but also the center of plant differentiation, the original group and the origin of the seabuckthorn. Researches on the biological characteristics and characteristic differences of wild sea buckthorn in different areas of Xinjiang have not been reported so far. The aim of this study was to reveal the genetic diversity and variation of wild sea buckthorn resources in different populations in Xinjiang, and to provide reference for the exploitation, utilization and protection of the species. 【Methods】From August to September of 2016, the mature fruits of wild sea buckthorn collected from 48 individuals from 6 populations derived from three different distribution areas of Altay, Ili and Aksu were used as research materials. 8 fruit characters (total sugar, vitamin C, total acid, ratio of sugar to acid, fruit color, flesh color, seed shape, seed color) were measured, respectively; and the morphological characteristics of fruits and seeds were observed according to the “reference standard and data standard of sea buckthorn germplasm resources”. The non-numerical characters were assigned and counted, separately. The coefficients of variation, relative range and population average value within and between the population variance components, phenotypic differentiation coefficients within and between the population mean square, *F* value and significance level were analyzed using DPS 7.05, Excel 2013 and SPSS 19.0 data processing

收稿日期:2017-11-13 接受日期:2018-02-01

基金项目:中央财政推广项目(2016TG06);新疆维吾尔自治区园艺学重点学科基金

作者简介:余天蓝,女,在读硕士研究生,研究方向为植物资源保护与利用。Tel: 15022949328, E-mail: 1982422250@qq.com

*通信作者 Author for correspondence. Tel: 13899825018, E-mail: 13899825018@163.com

software. Furthermore, the Shannon Weaver diversity index and Simpson diversity index of fruit characters within each population were calculated separately, and the characteristic roots higher than 1 of the first 4 principal components was selected for further analysis. 【Results】The average variation coefficient of fruit traits in wild seabuckthorn in Xinjiang was 40.11%, and the variation range was 21.77%-74.34%. The order of relative range and in average variation coefficient of different fruit characters was different, i.e. the variation degree between different fruit characters was different. The mean of differentiation coefficient of fruit characters between populations was 37.23%, and within the population was 62.77%. The diversity of fruit characters within populations is larger than that between populations, and variation within populations is the main source of variation of wild seabuckthorn in Xinjiang. The variation coefficients of the 8 fruit characters were different, among which the variation of fruit color was the highest (the average coefficient of variation was 74.34%), and the relative genetic stability of the total sugar was lower (the average coefficient of variation was 21.77%). The greatest differentiation coefficient of fruit characters was total acid (65.57%), and the smallest one is flesh color (5.83%). The average Shannon-weaver index and Simpson index of 6 wild seabuckthorn populations were 2.786 2 and 0.921 6, respectively. The highest fruit trait diversity was seen in the population of Habahe at 3.358 1 while the lowest was seen in the population of Zhaosu at 1.988 6. A rich genetic diversity existed between populations of wild sea buckthorn in Xinjiang. The cumulative contribution rate of the first 4 principal components of fruit traits was 81.46%, which could be used to describe most of the fruit traits. The contribution rate of principal component 1 was 23.19%, and the fruit quality index with higher load value was total acid. The contribution rate of principal component 2 was 21.62%, and the fruit quality index with higher load value was fruit color. The contribution rate of principal component 3 was 19.67%, and the fruit quality index with higher load value was total sugar. The contribution rate of principal component 4 was 16.98%, and the fruit quality index with higher load value was seed color. 【Conclusion】The fruit characters of wild sea buckthorn in Xinjiang had high character difference and differentiation. The variation of fruit color was the biggest, while the variation of total sugar was the lowest. Phenotypic variation was the main source of the variation within population for Xinjiang wild sea buckthorn. The fruit trait diversity of Habahe population was the highest among the 6 population. The diversity of fruit sugar acid ratio was the highest in the 8 fruit traits. The total acid, fruit color, total sugar and seed color were the main factors that would cause the difference of fruit traits of Xinjiang wild seabuckthorn.

Key words: Xinjiang wild seabuckthorn; Natural population; Fruit characters; Diversity

沙棘 (*Hippophae rhamnoides* L.) 是胡颓子科 (Elaeagnaceae) 沙棘属 (*Hippophae*) 灌木或乔木植物^[1]。依据 Sun 等^[2]和 Bartish 等^[3]的系统分类, 沙棘可分为7个种和8个亚种。我国不仅是沙棘属植物种质资源最富集的地区, 也是沙棘属植物的分类群分化中心、原始类群中心和起源中心^[4]。新疆有中亚沙棘 (*H. rhamnoides* L. subsp. *turkestanica*) 和蒙古沙棘 (*H. rhamnoides* L. subsp. *mongolica* Rousi) 2个沙棘亚种, 中亚沙棘主要分布在阿勒泰地区的平原、河谷及其各支流和河漫滩阶地, 海拔为 800~3 000 m; 蒙古沙棘主要分布于伊犁河支流的喀什河谷地、

河漫滩阶地和山前洪积冲积扇河流两岸的河滩地, 海拔为 1 800~2 100 m, 部分地区可达到 3 450 m^[5]。由于野生沙棘植物为雌雄异株、风媒授粉为主、兼性营养繁殖, 加之其分布区内的地形、气候和海拔等生态因子分化的影响, 使得野生沙棘不但种间分化强烈, 而且种内变异极大, 在形态上存在明显的多态性。胡建忠等^[6]在 2010 年对新疆阿勒泰地区沙棘进行考察, 提出沙棘分类需要进一步探讨。迄今为止, 对新疆区域沙棘的分类尚没有明确的定论。

果实性状的变异是研究植物居群特性的一个重要组成部分, 而且果实性状往往是较稳定的遗传特

征,在植物分类和遗传上具有重要价值,果实性状多样性可以揭示居群的遗传规律、变异大小^[7]。目前,利用果实性状变异研究植物的多样性已被应用于橄榄^[8]、龙眼^[9]、杏^[10]等果树种质资源。生利霞^[11]对中国沙棘(*H. rhamnoides* Linn. subsp. *sinensis*)、俄罗斯沙棘[*H. rhamnoides* L. (subsp. *mongolia* Rousi×subsp. *turkestanica* Rousi)]和蒙古沙棘的形态研究表明,3种沙棘的种子、枝刺、花芽、果实的形态特征差异较大,可以作为分类的依据。吴琼^[12]认为云南沙棘(*H. rhamnoides* Linn. subsp. *yunnanensis*)种子和果实性状是居群间差异的主要来源,其丰富的表型变异是其抗逆性强、适应性广的主要原因之一。温江波^[13]通过研究西藏沙棘(*H. thibetana*)和肋果沙棘(*H. neurocarpa*),认为7个居群果实性状存在着丰富的变异。而关于新疆不同区域野生沙棘的生物学特性差异还未见报道。

笔者从新疆野生沙棘果实性状特征和遗传变异入手,在新疆野生沙棘主要分布地采集不同居群单株作为研究材料,对新疆不同居群野生沙棘果实性状多样性进行分析,以期为其种质资源保存、优良性状的挖掘利用奠定基础。

1 材料和方法

1.1 试验材料

2016年8—9月,采集阿勒泰地区(青河县、布尔津县、哈巴河县)、伊犁地区(特克斯县、昭苏县)及阿克苏地区(乌什县)共计6个居群的48个带果实的植株样本,样本树的树龄、树势基本一致(采用ArcGIS 10.2软件将新疆野生沙棘各样株标注,地理位置见图1)。每个居群采集植株样本数为4~12个。株间距离在100 m以上,保证取样均匀性,并对样株进行GPS定位,各取样单株详细取样情况见表1。

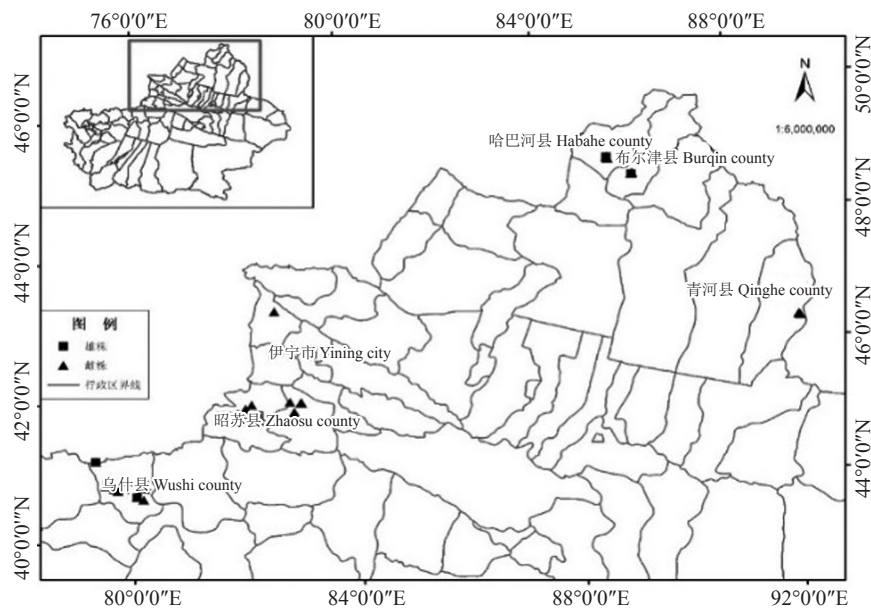


图 1 新疆野生沙棘采样点分布

Fig. 1 Distribution of sampling points of male and female strains of wild seabuckthorn in Xinjiang

表 1 新疆野生沙棘各居群分布地及样本数

Table 1 Geographic information and sample size of Xinjiang wild seabuckthorn in different population

居群代码 Population	东经 Longitude (E)	北纬 Latitude (N)	海拔 Altitude/m	样本数 Sample size
Pop 1	86.861 95~86.881 51	47.789 41~47.806 41	477~484	11
Pop 2	86.274 87~86.300 34	47.941 44~47.967 56	459~470	12
Pop 3	90.219 66~90.887 68	46.170 53~46.477 13	1 123~1 147	6
Pop 4	78.555 94~79.653 25	41.115 71~41.449 23	1 353~1 589	9
Pop 5	81.637 66~81.852 33	42.955 93~43.198 17	1 188~1 731	6
Pop 6	80.783 28~80.961 28	42.773 27~42.958 25	1 645~1 769	4

注:Pop 1. 布尔津居群;Pop 2. 哈巴河居群;Pop 3. 青河居群;Pop 4. 乌什居群;Pop 5. 特克斯居群;Pop 6. 昭苏居群。下同。

Note: Pop 1. Buerjin population; Pop 2. Habahe population; Pop 3. Qinghe population; Pop 4. Wushi population; Pop 5. Tekes population; Pop 6. Zhaosu population. The same below.

1.2 测定方法

以《沙棘种质资源描述规范和数据标准》^[14]为参考依据,观测果实、种子等植物学形态特征。测量每个指标的成熟果实样品为30~40个,迅速分离果肉与种子,测得果实中的维生素C含量^[15]、总糖含量、总酸含量^[16],并计算糖酸比。采用目测法观测果实颜色、果肉颜色、种子颜色和种子形状,将观察结果与标准色卡上相应代码的颜色进行比较,按照最大相似原则确定种质的果实颜色、果肉颜色和种子颜

色,并确定种子形状。

1.3 数据分析方法

对非数值型性状分别进行赋值(表2),将非数值型性状数值化。利用DPS 7.05、Excel 2013和SPSS 19.0数据处理软件分别计算各居群果实性状的变异系数、相对极差、居群内方差、居群间方差、表型分化系数、*F*值和显著性水平、Shannon-weaver多样性指数和Simpson多样性指数,并进行主成分和相关性分析。

表2 野生沙棘果实性状观测项目及记载标准

Table 2 Observation project and recorded standard of wild seabuckthorn fruits character in Xinjiang

序号 No.	观测项目 Observation project	数据类型 Data type	记载标准 Determination standards
1	总糖含量 Total sugar content/%	数值性状 Numerical characteristics	实测数据 Measured data
2	维生素C含量 Vitamin C content/(mg·100 g ⁻¹)	数值性状 Numerical characteristics	实测数据 Measured data
3	总酸含量 Total acid content/%	数值性状 Numerical characteristics	实测数据 Measured data
4	糖酸比 Ratio of sugar to acid	数值性状 Numerical characteristics	总糖含量/总酸含量 Total sugar content/total acid content
5	果实颜色 Fruit color	多态 Polymorphic	1. 黄;2. 浅黄;3. 污白;4. 橙黄;5. 橙色;6. 橙红;7. 红 1. Yellow; 2. Light yellow; 3. Sewage white; 4. Orange yellow; 5. Orange; 6. Orange red; 7. Red
6	果肉颜色 Flesh color	多态 Polymorphic	1. 乳黄;2. 黄白;3. 淡黄 1. Milky yellow; 2. White-yellow; 3. Pale yellow
7	种子形状 Seed shape	二态 Dimorphism	1. 卵圆形;2. 长卵形 1. Oval; 2. Long oval
8	种子颜色 Seed color	多态 Polymorphic	1. 褐色;2. 棕褐色;3. 深褐色 1. Brown; 2. Tan; 3. Dark brown

通过DPS软件计算多样性指数,Simpson多样性指数公式为 $D=1-\sum pi^2$ 。式中pi表示某性状第*i*个代码值出现的概率。

Shannon-Weaver多样性指数公式为 $H'=-\sum Pi \ln Pi$, $Var(H')=[\sum (Pi \ln Pi)^2 - (\sum Pi \ln Pi)^2]/N + (n-1)/(2 \times N \times N)$,式中: H' 为某性状的遗传多样性指数, Pi 为某性状第*i*个代码出现的频率, n 为某性状的代码数, $Var(H')$ 为遗传多样性指数方差。

符合度公式为 $R\% = \frac{\sum Mi}{\sum Mi0} \times 100$ 。式中: $Mi0$ 为总体样本中第*i*个性状表现型的等级数或极差, Mi 为抽取样本中第*i*个性状表现型的等级数或极差。

野生沙棘果实性状综合指标的权重^[17]计算公式

$$W_j = \frac{P_j}{\sum_{j=1}^n P_j}, j=1, 2, \dots, n$$

。式中: W_j 代表第*j*个综合指标在所有综合指标中的重要程度即权重; P_j 代表

经主成分分析所得各野生沙棘果实性状第*j*个综合指标的贡献率。

分化系数(*Fst*)描述了性状居群间方差占居群方差的比例,可以反映居群间的分化状况。参照葛颂等^[18]的方法,计算公式为: $Fst = [\delta_{is}^2] / [\delta_{is}^2 + \delta_s^2]$ 。其中 δ_{is}^2 为居群间方差分量, δ_s^2 为居群内方差分量。相对极差(*Ri*)用来表示性状的极端差异程度, $Ri = R_1/R_2$,其中 R_1 表示居群内的极差, R_2 表示总极差。

2 结果与分析

2.1 果实性状的变异与遗传稳定性

变异系数反映性状的离散程度,变异系数越大,则性状值离散程度越大。从表3可知,果实各个性状变异系数差异均较大,平均变异系数为40.11%;各性状间差异较显著,其中果实颜色的平均变异系数最大(74.34%),总糖含量的平均变异系数最小(21.77%),说明果实颜色的性状变异最大,总糖含量的相对遗传稳定性最高,平均变异系数范围为

表 3 野生沙棘果实性状统计

Table 3 Statistics of phenotypic characteristics of wild seabuckthorn fruit

	居群 Population	总糖含量 Total sugar content	维生素 C 含量 Vitamin C content	总酸含量 Total acid content	糖酸比 Ratio of sugar to acid	果实颜色 Fruit color	果肉颜色 Flesh color	种子形状 Seed shape	种子颜色 Seed color	平均 Mean
变异系数 CV/%	Pop 1	11.13	60.43	12.13	16.43	37.15	28.41	37.15	35.17	27.79
	Pop 2	21.67	40.70	17.50	27.84	78.32	47.45	34.32	36.00	37.94
	Pop 3	21.51	22.15	18.56	21.98	77.45	55.80	36.53	22.30	35.11
	Pop 4	10.78	27.72	19.57	17.72	67.14	36.15	37.59	24.78	31.25
	Pop 5	4.57	12.93	20.97	17.45	46.44	30.90	34.87	38.80	26.86
	Pop 6	7.14	43.60	6.31	10.31	57.73	66.67	40.00	28.57	29.82
平均变异系数 Average CV/%		21.77	54.72	27.71	24.58	74.34	41.60	35.55	33.22	40.11
相对极差 Ri		0.83	1.92	1.24	1.13	2.19	1.33	0.78	0.66	1.26
Simpson 指数 Simpson index	Pop 1	0.907 4	0.867 7	0.902 4	1.158 4	0.961 5	0.948 5	0.961 5	0.969 7	0.959 6
	Pop 2	0.914 3	0.895 8	0.909 8	1.203 6	0.911 8	0.950 0	0.974 4	0.958 3	0.964 8
	Pop 3	0.840 4	0.827 0	0.836 2	1.157 9	0.818 2	0.888 9	0.916 7	0.909 1	0.899 3
	Pop 4	0.894 6	0.881 9	0.887 9	1.201 2	0.875 7	0.963 6	0.954 6	0.941 7	0.950 2
	Pop 5	0.846 0	0.832 6	0.833 7	1.217 1	0.848 0	0.911 1	0.952 4	0.928 6	0.921 2
	Pop 6	0.769 1	0.716 5	0.758 7	1.142 6	0.733 3	0.800 0	0.900 0	0.857 1	0.834 7
平均 Mean		0.862 0	0.943 3	0.854 8	1.180 1	0.858 1	0.910 4	0.836 9	0.927 4	0.921 6
Shannon-weaver 指数 Shannon-weaver index	Pop 1	3.313 9	3.082 5	3.312 3	3.305 0	3.238 9	3.263 9	3.238 9	3.251 6	3.250 9
	Pop 2	3.430 2	3.343 8	3.438 9	3.410 2	3.146 3	3.327 8	3.392 8	3.375 0	3.358 1
	Pop 3	2.557 3	2.551 5	2.563 2	2.555 5	2.251 6	2.419 4	2.503 3	2.550 3	2.494 0
	Pop 4	3.162 4	3.119 8	3.145 0	3.149 9	2.852 8	3.095 8	3.085 0	3.125 0	3.092 0
	Pop 5	2.583 7	2.574 7	2.559 4	2.566 0	2.439 3	2.521 9	2.521 6	2.500 0	2.533 3
	Pop 6	1.997 2	1.893 6	1.997 8	2.544 5	1.811 3	1.792 5	1.921 9	1.950 2	1.988 6
平均 Mean		2.840 8	2.761 0	2.836 1	2.921 9	2.623 4	2.736 9	2.777 3	2.792 0	2.786 2

21.77%~74.34%。

变异系数还可以间接反映居群多样性的丰富程度,变异系数越大说明居群性状的变异幅度越高,性状多样性越丰富。不同居群性状的平均变异系数从小到大依次为:Pop 5(26.86%)<Pop 1(27.79%)<Pop 6(29.82%)<Pop 4(31.25%)<Pop 3(35.11%)<Pop 2(37.94%),不同居群内同一性状的变异系数都有一定的差异,这表明不同居群环境导致了居群表型的差异,Pop 2果实性状变异分化较明显,遗传稳定性最低,果实多样性最丰富。Pop 5果实性状变异分化较小,遗传稳定性最高,果实多样性相对较单一。

相对极差可衡量居群间的极端差异程度,使各性状间具有可比性。不同性状的相对极差从小到大依次为种子颜色(0.66)<种子形状(0.78)<总糖含量(0.83)<糖酸比(1.13)<总酸含量(1.24)<果肉颜色(1.33)<维生素 C 含量(1.92)<果实颜色(2.19)。这与果实的平均变异系数从小到大的顺序总糖含量(21.77%)<糖酸比(24.58%)<总酸含量(27.71%)<种子颜色(33.22%)<种子形状(35.55%)<果肉颜色(41.60%)<维生素 C 含量

(54.72%)<果实颜色(74.34%)不一致,说明果实性状变异程度不一致。

2.2 居群间果实性状多样性

如表 3 所示, Simpson 指数从大到小依次为:糖酸比(1.180 1)>种子形状(0.943 3)>种子颜色(0.927 4)>果肉颜色(0.910 4)>总糖含量(0.862 0)>果实颜色(0.858 1)>总酸含量(0.854 8)>维生素 C 含量(0.836 9); Shannon-weaver 指数从大到小依次为:糖酸比(2.921 9)>总糖含量(2.840 8)>总酸含量(2.836 1)>种子颜色(2.792 0)>种子形状(2.777 3)>维生素 C 含量(2.761 0)>果肉颜色(2.736 9)>果实颜色(2.623 4),可以得出糖酸比的多样性最高。居群多样性 2 个指数都表现出 Pop 2>Pop 1>Pop 4>Pop 5>Pop 3>Pop 6 的趋势,说明 Pop 2 多样性最丰富、复杂程度高、所含信息量丰富, Pop 6 多样性最单一、遗传稳定性较强。

2.3 居群果实性状分化

性状分化系数表示种间方差分量占总变异(居群间和居群内方差分量之和)的百分比,主要用于反映居群间性状分化程度,从表 4 可以看出,性状分化变幅为 5.83%~65.57%,最小的是果肉颜色,最大的

表4 野生沙棘果实性状的方差分析

Table 4 Variance analysis of characters of wild seabuckthorn fruit

性状 Trait	方差分量 Variance components		表型分化系数 Fst/%	F值 F value	Sig.
	居群内 In population	居群间 Between population			
总糖含量 Total sugar content/%	1.953 2	2.945 9	60.13	12.644 0 **	0.000 0
维生素C含量 Vitamin C content/(mg·100 g ⁻¹)	3 174.334 3	5 854.163 8	64.84	9.389 2 **	0.000 0
总酸含量 Total acid content/%	15.962 4	30.405 0	65.57	13.401 1 **	0.000 0
糖酸比 Ratio of sugar to acid	0.006 9	0.005 0	41.76	5.639 8 **	0.000 5
果实颜色 Fruit color	2.205 2	0.944 4	29.99	3.425 9 **	0.011 4
果肉颜色 Flesh color	0.394 7	0.024 4	5.83	0.633 4	0.675 4
种子形状 Seed shape	0.192 9	0.012 4	6.05	0.459 3	0.804 0
种子颜色 Seed color	0.188 2	0.058 4	23.67	2.435 4	0.051 1
平均 Mean	399.404 7	736.069 9	37.23	6.003 5	0.192 8

注:**表示在0.01水平极显著差异。

Note: ** indicates significant difference at the 0.01 level.

是总酸含量,说明居群内果肉颜色分化最小,总酸含量分化最大,平均分化系数为37.23%,说明性状变异在居群间的贡献占37.23%,果实变异主要来自居群内的性状变异,且居群内果实性状多样性大于居群间果实性状的多样性。经F值检验,8个果实性状中,总糖含量、总酸含量等5个性状存在极显著差异,差异极显著的指标数量占有所有指标数的62.50%,表明不同果实性状间存在明显的形态分化。

2.4 主成分分析

主成分分析不仅能简化数据集,保留对方差贡献大的数据,消除常见形态指标间的线性化,还能确定影响分类的主要因素^[19],为分类提供科学依据。方差贡献率可度量随机变量在主成分分析上的离散程度,其值越大^[20],说明主成分在样本数据分析中的作用越大,因此特征值和方差贡献率是主成分分析的重要依据^[21]。

由表5可以得出,第1主成分的方差贡献率为23.19%,有较高荷载值的果实性状指标是总酸含量;第2主成分的方差贡献率为21.62%,有较高荷载值的果实性状指标是果实颜色;第3主成分的方差贡献率为19.67%,有较高荷载值的果实性状指标是总糖含量;第4主成分的方差贡献率为16.98%,有较高荷载值的果实性状指标是种子颜色。

由主成分分析结果可知,第1主成分的方差贡献率最大,说明第1主成分在果实性状数据分析中作用最大,且前4个主成分能代表原来8个果实性状所包含的大部分信息。因此对新疆野生沙棘果实性状进行主成分分析,可为其性状类型鉴定和优良种

表5 主成分特征值、方差贡献率、累计方差贡献率和主要相关矩阵的特征向量

Table 5 The eigenvalues, variance contribution rates, accumulative contribution ratios of the principal

components and main eigenvectors of the correlation matrix

项目 Items	因子1	因子2	因子3	因子4
	Factor 1	Factor 2	Factor 3	Factor 4
特征值 Eigen value	1.86	1.49	1.41	1.20
贡献率 Contribution rate/%	23.19	21.62	19.67	16.98
累计贡献率 Accumulative contribution ratio/%	23.19	44.81	64.48	81.46
特征向量 Eigen vectors				
总糖含量 Total sugar content/%	-0.40	0.49	0.64	0.33
维生素C含量 Vitamin C content/ (mg·100 g ⁻¹)	-0.29	-0.25	0.51	0.47
总酸含量 Total acid content/%	-0.93	-0.01	0.27	0.14
果实颜色 Fruit color	-0.01	0.79	-0.11	-0.31
果肉颜色 Flesh color	0.29	-0.53	0.50	-0.25
种子形状 Seed shape	-0.20	-0.17	-0.43	0.44
种子颜色 Seed color	0.25	0.12	-0.37	0.69
糖酸比 Ratio of sugar to acid	0.74	0.48	0.30	0.14

质选育提供依据。

3 讨论

丰富的种质资源是植物育种学研究的重要基础,其中性状在鉴定植物种属间亲缘关系和居群生物学分析中发挥了不可替代的作用,在进行种质采集时应该以天然居群为单位,对现有居群生境进行就地保护,笔者发现新疆野生沙棘果实多样性极为丰富,是优良种源的基础,由于哈巴河居群有较高的

遗传多样性,建议优先对哈巴河居群进行就地保护,最大程度地保护新疆野生沙棘资源。开展生态遗传学研究,分析居群的遗传多样性,结合分子生物学生态学分析居群遗传多样性,确定保存策略。新疆野生沙棘果实多样性贡献中,有37.23%变异来自于居群间,因此,可以适当增加居群内的个数,减少抽样的居群数。

3.1 果实性状多样性水平和变异格局

新疆野生沙棘果实性状平均多样性指数 H 和 D 分别为2.786 2、0.921 6,与新疆准噶尔山楂^[22]($H=2.316 5, D=0.810 1$)、槭树科五角枫^[23]($H=2.678 0, D=0.903 4$)、寒地梨^[24]($H=0.707 5, D=0.775$)相比均表现出较高的多样性,这与野生沙棘可适应广泛的生长环境有一定的关系。此外,变异系数可以间接反映性状多样性的丰富程度:变异系数越大,说明性状多样性越丰富;反之,性状多样性越单一。李春侨等^[25]得出天山樱桃各表型形态指标变异系数大小的顺序为果实>种子>枝叶>花;梁玉琴等^[26]发现柿中数量性状变异程度大小顺序为果实>种子>叶片。笔者在野外野生沙棘种质资源的考察中发现,野生沙棘生长范围很广,寒冷、贫瘠、山谷等地均能分布,通过多样性指数发现野生沙棘果实性状的多样性高于种子性状。这些均表明果实性状有较丰富的多样性。由此可见,不同物种对环境的适应能力不同,同一物种不同性状对同一环境因子的反应不同或不同环境对同一表型性状的影响不同,这是野生沙棘环境因子和遗传因子长期磨合的结果。

性状既具有变异性又具有稳定性,受其本身的遗传组成和生态环境2个方面的影响,是生物适应其生态环境的表现形式^[9]。黄铨^[27]对青海、甘肃、陕西、山西、河北5省5个地区中国沙棘形态性状变异的研究表明,各个地点的每个性状都存在复杂的随机变异式样,中国沙棘是个多态型居群系统。本研究结果表明,同一果实性状的变异系数在不同居群间存在较大差异,各居群间平均变异系数从小到大依次为:特克斯居群(25.87%)<布尔津居群(29.75%)<乌什居群(30.18%)<昭苏居群(32.54%)<青河居群(34.53%)<哈巴河居群(37.97%),各果实性状的变异系数对不同居群差别很大,并且同一居群内不同果实性状之间的变异程度也较高。刘娟等^[28]在新疆杏种质资源表型多样性研究中也获得类似结论。一般而言,物种分布区越

小,居群间变异越小;物种分布区越大,居群间变异越大。这是因为物种会由于种类繁多、生境分布广、物种间竞争激烈及迫于环境的选择压力发生变异。笔者发现,供试材料在大部分果实性状方面均出现了较大的变异,变异系数均大于10%,尤其是糖、维生素C含量变异很大,温江波^[13]研究表明,肋果沙棘果柄长变异系数为10.61%~69.86%,与本文所得变异系数结果相似。因此,笔者认为致使变异系数差异很大的原因是种质遗传变异。

3.2 果实表型性状分化

不同来源地植物居群间由于环境的选择压力不同以及地理隔离,使得居群间基因交流较少,各居群逐渐形成相对比较稳定的性状特征;同时,植物居群的遗传分化造成各居群内优势基因型频率不同,这进一步维持或强化了性状在居群间的不同程度的差异^[29]。本研究中,新疆野生沙棘果实性状居群的平均分化系数为37.23%,即居群间的多样性低于居群内,表型变异以居群内为主。盛芳等^[30]在新疆野生山楂的研究中也发现居群内变异是野生山楂的主要变异来源。李帅锋等^[31]在思茅松天然居群种实表型变异中也发现居群内变异是其主要变异来源。冯秋红等^[32]在岷江柏种实表型变异特征中也得到了相同的结果。吴琼^[12]对云南沙棘表型多样性的研究表明,居群间表型分化系数为37.02%,认为云南沙棘天然居群内的表型变异显著高于居群间变异。居群内的变异远大于居群间的变异,但居群间变异的意义却远大于居群内变异,因为存在于居群间的变异反映了地理、生殖隔离上的变异,居群间的多样性变异是种内多样性的重要组成部分,分布在居群间的变异真正反映了居群在不同环境中的适应状况,其值在某种程度上说明了该生物对不同环境适应的广泛程度,值越大,适应的环境越广^[33]。

4 结 论

新疆野生沙棘果实性状居群间变异系数为21.77%~74.34%,果实性状间存在着丰富的变异,其中果实颜色的变异最大,且不同居群内同一性状的变异系数有一定的差异。相对极差与平均变异系数变化不一致,果实性状变异程度不一致。哈巴河居群多样性最丰富、复杂程度高、所含信息量丰富。果实性状平均分化系数为37.23%,居群内变异是其变异的主要来源,且居群内果实性状多样性大于居群

间果实性状的多样性。总酸含量、果实颜色、总糖含量、种子颜色等是造成果实性状差异的主要因素。

参考文献 References:

- [1] 庞海龙,苏雪,张辉,蔡正旺,孙坤.沙棘属植物种子微形态特征研究[J].植物科学学报,2012,30(1):8-14.
PANG Hailong, SU Xue, ZHANG Hui, CAI Zhengwang, SUN Kun. Micromorphological features of the seed surface of the genus *Hippophae* L.[J]. Plant Science Journal, 2012, 30(1): 8-14.
- [2] SUN K, CHEN XL, MA R J, WANG Q. Molecular phylogenetics of *Hippophae* L. (Elaeagnaceae) based on the internal transcribed spacer (ITS) sequences of nrDNA[J]. Plant Systematics & Evolution, 2002, 235(1/4): 121-134.
- [3] BARTISH I V, JEPPSSON N, NYBOM H, SWENSON U. Phylogeny of *Hippophae* (Elaeagnaceae) inferred from parsimony analysis of chloroplast DNA and morphology[J]. Systematic Botany, 2007, 27(1): 41-54.
- [4] 于悼德,敖复,廉永善.中国沙棘属植物的起源、分类、群落和资源[J].沙棘,1993,6(1):19-24.
YU Daode, AO Fu, LIAN Yongshan. The origin, classification, community and resources of *Hippophae* in China[J]. Seabuckthorn, 1993, 6(1): 19-24.
- [5] 王爱芹.新疆青河沙棘果渣黄酮化合物提取分离及应用[D].乌鲁木齐:新疆大学,2009.
WANG Aiqin. Extraction, separation and application on flavonoids in seabuckthorn marc from Qinghe in Xinjiang[D]. Urumqi: Xinjiang University, 2009.
- [6] 胡建忠,金争平,吕荣森.新疆阿勒泰地区沙棘资源及种植开发[J].国际沙棘研究与开发,2011,9(1):34-41.
HU Jianzhong, JIN Zhengping, LÜ Rongsen. Seabuckthorn resources and planting development in Altay region[J]. International Seabuckthorn Research and Development, 2011, 9(1): 34-41.
- [7] 江锡兵,龚榜初,刘庆忠,陈新,吴开云,邓全恩,汤丹.中国板栗地方品种重要农艺性状的表型多样性[J].园艺学报,2014,41(4):641-652.
JIANG Xibing, GONG Bangchu, LIU Qingzhong, CHEN Xin, WU Kaiyun, DENG Quanen, TANG Dan. Phenotypic diversity of important agronomic traits of local cultivars of Chinese chestnut[J]. Acta Horticulturae Sinica, 2014, 41(4): 641-652.
- [8] 吴如健,万继锋,韦晓霞,陈瑾,胡茵青,潘少霖.橄榄种质资源果实表型性状多样性分析及其数量分类研究[J].果树学报,2015,32(5):797-805.
WU Rujian, WAN Jifeng, WEI Xiaoxia, CHEN Jin, HU Hanqing, PAN Shaolin. Fruit character diversity analysis and numerical classification of Chinese olive germplasm resources[J]. Journal of Fruit Science, 2015, 32(5): 797-805.
- [9] 黄爱萍,陈秀萍,胡文舜,姜帆,郑娟,章希娟,魏秀清,邓朝军,郑少泉.龙眼种质资源果实性状多样性分析及其数量分类研究[J].果树学报,2010,27(6):938-945.
HUANG Aiping, CHEN Xiuping, HU Wenshun, JIANG Fan, ZHENG Shan, ZHANG Xijuan, WEI Xiuqing, DENG Zhaojun, ZHENG Shaoquan. Fruit character diversity analysis and numerical classification of longan (*Dimocarpus*) germplasm resources [J]. Journal of Fruit Science, 2010, 27(6): 938-945.
- [10] 赵海娟,刘威生,刘宁,张玉萍,章秋平,刘硕.普通杏(*Armeniaca vulgaris*)种质资源果实主要数量性状变异及概率分级[J].果树学报,2013,30(1):37-42.
ZHAO Haijuan, LIU Weisheng, LIU Ning, ZHANG Yuping, ZHANG Qiuping, LIU Shuo. Variation and probability grading of main quantitative traits of apricot (*Armeniaca vulgaris*) germplasm[J]. Journal of Fruit Science, 2013, 30(1): 37-42.
- [11] 生利霞.沙棘主要性状评价与性别标记研究[D].长春:吉林农业大学,2004.
SHENG Lixia. The evaluation on main characters and the studies on sex makers of seabuckthorn[D]. Changchun: Jilin Agricultural University, 2004.
- [12] 吴琼.中国沙棘、云南沙棘表型多样性研究[D].兰州:西北师范大学,2007.
WU Qiong. Study on phenotypic diversity in *H. rhamnoides* subsp. *sinensis* and *H. rhamnoides* subsp. *yunnanensis* with a discussion on origin of *H. goniocarpa*[D]. Lanzhou: Northwest Normal University, 2007.
- [13] 温江波.青藏高原东缘西藏沙棘、肋果沙棘遗传多样性[D].兰州:西北师范大学,2010.
WEN Jiangbo. Study on the genetic diversity of *H. tibetana* and *H. neurocarpa* ssp. *neurocarpa* in the eastern of Qinghai-Tibet Plateau and the clone fitness of hybrids and their parents of hybrid zone in *Hippophae*[D]. Lanzhou: Northwest Normal University, 2010.
- [14] 宋洪伟,张冰冰.沙棘种质资源描述规范和数据标准[M].北京:中国农业出版社,2005:7-22.
SONG Hongwei, ZHANG Bingbing. Description standard and data standard of seabuckthorn germplasm resources[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2005: 7-22.
- [15] 李野,尹利辉,高尚,袁德峥,孙晓徐,徐健峰,李妮.食品中维生素C含量测定方法的研究进展[J].药物分析杂志,2016,36(5):756-764.
LI Ye, YIN Lihui, GAO Shang, YUAN Dezheng, SUN Xiaocui, XU Jianfeng, LI Ni. Research progress of vitamin C content determination in food and drug[J]. Chinese Journal of Pharmaceutical Analysis, 2016, 36(5): 756-764.
- [16] 魏国芹,孙玉刚,孙杨,杨兴华.甜樱桃果实发育过程中糖酸含量的变化[J].果树学报,2014,31(增刊1):103-109.
WEI Guoqin, SUN Yugang, SUN Yang, YANG Xinghua. Changes of sugar and acid constituents in sweet cherry during fruit development[J]. Journal of Fruit Science, 2014, 31(Suppl. 1): 103-109.
- [17] 赵璐,杨治伟,部丽群,田玲,苏梅,田蕾,张银霞,杨淑琴,李培富.宁夏和新疆水稻种质资源表型遗传多样性分析及综合评价[J].作物杂志,2018(1):25-34.
ZHAO Lu, YANG Zhiwei, BU Liqun, TIAN Ling, SU Mei,

- TIAN Lei, ZHANG Yinxia, YANG Shuqin, LI Peifu. Analysis and comprehensive evaluation of phenotypic genetic diversity of Ningxia and Xinjiang rice germplasm[J]. Crop Journal, 2018 (1): 25-34.
- [18] 葛颂, 王明麻, 陈岳武. 用同工酶研究马尾松居群的遗传结构[J]. 林业科学, 1988, 24(4): 399-409.
- GE Song, WANG Mingxiu, CHEN Yewu. An analysis of population genetic structure of Masson pine by isoenzyme technique[J]. Scientia Silvae Sinicae, 1988, 24(4): 399-409.
- [19] TANG Q Y, ZHANG C X. Data processing system (DPS) software with experimental design, statistical analysis and data mining developed for use in entomological research[J]. Insect Science, 2013, 20(2): 254-260.
- [20] 杨俊霞, 郭宝林, 张卫红, 古芹霞. 核桃主要经济性状的成分分析及优良品种选择的研究[J]. 河北农业大学学报, 2001, 24(4): 39-42.
- YANG Junxia, GUO Baolin, ZHANG Weihong, GU Qinxia. The studies of principal component analysis on the main economic character and superior variety selection of walnut[J]. Journal of Agricultural University of Hebei, 2001, 24(4): 39-42.
- [21] 卞贵建, 周庆阳. 树莓主要经济性状的成分分析及其优良品种的选择[J]. 四川林业科技, 2006, 27(2): 68-71.
- BIAN Guijian, ZHOU Qingyang. Principal component analysis of the main economic characters and superior variety selection of raspberry[J]. Journal of Sichuan Forestry Science and Technology, 2006, 27(2): 68-71.
- [22] SHENG F, CHEN S Y, TIAN J, LI P, QIN X. Morphological and ISSR molecular markers reveal genetic diversity of wild hawthorns (*Crataegus songorica* K. Koch.) in Xinjiang, China[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2017, 16(11): 2482-2495.
- [23] 张翠琴, 姬志峰, 林丽丽, 赵瑞华, 王祎玲. 五角枫种群表型多样性[J]. 生态学报, 2015, 35(16): 5343-5352.
- ZHANG Cuiqin, JI Zhifeng, LIN Lili, ZHAO Ruihua, WANG Yiling. Phenotypic diversity of *Acer mono* Maxim population[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35(16): 5343-5352.
- [24] 张冰冰, 宋洪伟, 刘慧涛, 梁英海, 李粤渤. 寒地梨种质资源表型多样性研究[J]. 果树学报, 2009, 26(3): 287-293.
- ZHANG Bingbing, SONG Hongwei, LIU Huitao, LIANG Yinghai, LI Yuebo. Study on the diversity of phenotypic characteristics of pear germplasm resources in the cold region[J]. Journal of Fruit Science, 2009, 26(3): 287-293.
- [25] 李春桥, 周龙, 陆彪, 董凯向, 刘春燕. 天山樱桃种质资源表型多样性研究[J]. 西北农业学报, 2018, 27(1): 1-7.
- LI Chunqiao, ZHOU Long, LU Biao, DONG Kaixiang, LIU Chunyan. Analysis of genetic diversity of wild populations of *Cerasus tianshanica* Pojark revealed by ISSR molecular markers[J]. Molecular Plant Breeding, 2018, 27(1): 1-7.
- [26] 梁玉琴, 韩卫娟, 张嘉嘉, 孙鹏, 梁晋军, 傅建敏. 河南省柿种质资源表型多样性研究[J]. 中国农业大学学报, 2015, 20(1): 74-85.
- LIANG Yuqin, HAN Weijuan, ZHANG Jiajia, SUN Peng, LIANG Jinjun, FU Jianmin. Phenotypic diversity of persimmon germplasm in Henan province[J]. Journal of China Agricultural University, 2015, 20(1): 74-85.
- [27] 黄铨. 中国沙棘的性状变异与演化趋势[J]. 国际沙棘研究与开发, 2003, 1(2): 6-12.
- HUANG Quan. Character variation and evolutionary trend of Chinese seabuckthorn[J]. The Global Seabuckthorn Research and Development, 2003, 1(2): 6-12.
- [28] 刘娟, 廖康, 曼苏尔·那斯尔, 赵世荣, 刘欢, 贾杨. 新疆杏种质资源表型多样性研究[J]. 果树学报, 2014, 31(6): 1047-1056.
- LIU Juan, LIAO Kang, Mansuer Nasier, ZHAO Shirong, LIU Huan, JIA Yang. Research on phenotypic diversity of apricot germplasm resources in Xinjiang[J]. Journal of Fruit Science, 2014, 31(6): 1047-1056.
- [29] 陈林, 杨新国, 宋乃平, 杨明秀, 肖绪培, 王兴. 宁夏中部干旱带主要植物叶性状变异特征研究[J]. 草业学报, 2014, 23(1): 41-49.
- CHEN Lin, YANG Xinguo, SONG Naiping, YANG Mingxiu, XIAO Xupei, WANG Xing. A study on variations in leaf trait of plants in the arid region of middle Ningxia[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2014, 23(1): 41-49.
- [30] 盛芳, 陈淑英, 田嘉, 李鹏, 秦雪, 罗淑萍, 李疆. 新疆准噶尔山植不同居群的遗传多样性[J]. 生物多样性, 2017, 25(5): 518-530.
- SHENG Fang, CHEN Shuying, TIAN Jia, LI Peng, QIN Xue, LUO Shuping, LI Jiang. Genetic diversity of *Crataegus songorica* in Xinjiang[J]. Biodiversity Science, 2017, 25(5): 518-530.
- [31] 李帅锋, 苏建荣, 刘万德, 郎学东, 张志钧, 苏磊, 贾呈鑫, 杨华景. 思茅松天然居种群实表型变异[J]. 植物生态学报, 2013, 37(11): 998-1009.
- LI Shuaifeng, SU Jianrong, LIU Wande, LIANG Xuedong, ZHANG Zhijun, SU Lei, JIA Chengxinzhao, YANG Huajing. Phenotypic variations in cones and seeds of natural *Pinus kesiya* var. *langbianensis* populations in Yunnan province, China[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2013, 37(11): 998-1009.
- [32] 冯秋红, 史作民, 徐峥静茹, 缪宁, 唐敬超, 刘兴良, 张雷. 岷江柏天然居种群实表型变异特征[J]. 应用生态学报, 2017, 28(3): 748-756.
- FENG QiuHong, SHI Zuomin, XU Zhengjingru, MIAO Ning, TANG Jingchao, LIU Xingliang, ZHANG Lei. Phenotypic variations in cones and seeds of natural *Cupressus chengiana* populations in China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2017, 28(3): 748-756.
- [33] 庞广昌, 姜冬梅. 群体遗传多样性和数据分析[J]. 林业科学, 1995, 31(6): 543-550.
- PANG Guangchang, JIANG Dongmei. Population genetic diversity and data analysis[J]. Scientia Silvae Sinicae, 1995, 31(6): 543-550.