

## 江西野生毛花猕猴桃群体 SSR 遗传多样性研究

钟敏<sup>1,2</sup> 陶俊杰<sup>2</sup> 黄春辉<sup>2</sup> 黄清<sup>2</sup> 邹梁峰<sup>2</sup>  
廖光联<sup>2</sup> 陈璐<sup>2</sup> 徐小彪<sup>1,2,\*</sup>

(1江西农业大学林学院,江西 南昌 330045;2江西农业大学猕猴桃研究所,江西 南昌 330045)

**摘要:**为分析江西野生毛花猕猴桃群体遗传多样性,以江西省境内的 5 个野生毛花猕猴桃雄性群体(72 个个体)为试验材料,采用 SSR 分子标记技术,选取 15 对多态性引物,利用聚丙烯酰胺电泳对 PCR 产物进行检测。结果表明,15 对 SSR 引物共检测到 86 个位点,多态性位点百分率为 100.0%;观察到的平均等位基因数为 5.733,有效等位基因数为 3.002,Shannon 信息指数为 1.046。表观杂合度介于 0.111~0.819 之间,预期杂合度介于 0.041~0.876 之间,遗传分化系数为 2.01,野生毛花猕猴桃雄性群体间存在较大的遗传分化。5 个毛花猕猴桃雄性群体遗传距离范围为 0.102~0.409,遗传相似度范围为 0.665~0.903,群体间遗传距离与地理距离无相关性。群体的遗传多样性丰富度依次为庐山>井冈山>南源山>武功山>麻姑山,江西地区供试的野生毛花猕猴桃雄性群体在分子水平上具有丰富的多态性。本研究结果为毛花猕猴桃雄性品种选育、种质创新与利用提供了一定的理论基础。

**关键词:**毛花猕猴桃; SSR; 遗传多样性

DOI:10.11869/j.issn.100-8551.2019.05.0863

毛花猕猴桃 (*Actinidia eriantha* Benth.) 为猕猴桃科 (*Actinidiaceae*) 猕猴桃属 (*Actinidia*) 雌雄异株的多年生藤本果树,是我国特有的猕猴桃种质资源,主要分布于长江以南海拔 200~1 000 m 的山区<sup>[1]</sup>。目前世界猕猴桃的主栽品种比较单一,培育新的栽培品种具有重要意义<sup>[2]</sup>。毛花猕猴桃具有抗逆性强、果实维生素 C 含量高且含有丰富的矿物质等优势,已成为猕猴桃新品种选育的重要潜在物种<sup>[3]</sup>。目前已报道的毛花猕猴桃雌性品种有大果型沙农 18 号<sup>[4]</sup>、华特<sup>[5]</sup>和易剥皮型品种赣猕 6 号<sup>[6]</sup>。

目前,猕猴桃雌株的研究主要集中在果实发育特性<sup>[7]</sup>、果实品质<sup>[8]</sup>、果实采后特性<sup>[9]</sup>等方面,其中针对雄花花粉活力<sup>[12-13]</sup>、花粉形态<sup>[14]</sup>等的研究报道较多,但有关雄性种质资源的报道较少。猕猴桃具有花粉直感效应<sup>[10-11]</sup>,雄株所产花粉对果实的外观和内在品质影响较大。当前,我国猕猴桃授粉雄株的选育工作严重滞后,综合性状优良并与雌株相配套的雄性品种较

缺乏<sup>[15]</sup>。研究表明,从野生资源中选择优异品种较杂交育种耗时短且见效快,因此对野生资源的调查、评价和保存具有重要意义<sup>[16]</sup>。

SSR (simple sequence repeat) 分子标记因其共显性遗传、分布广、稳定性和重复性好<sup>[17]</sup>等优点,已成为理想的遗传标记技术,在藜麦<sup>[18]</sup>、绿豆<sup>[19]</sup>、苹果<sup>[20]</sup>、杜梨<sup>[21]</sup>、牛心柿<sup>[22]</sup>、毛樱桃<sup>[23]</sup>上均有报道。在分子水平上分析遗传多样性,可为种质资源鉴定和品种鉴定提供依据,有利于猕猴桃种质资源的开发利用。SSR 技术在猕猴桃上的应用集中于遗传多样性<sup>[2]</sup>、亲缘关系鉴定<sup>[24]</sup>、关联分析<sup>[25]</sup>及指纹图谱鉴定<sup>[26]</sup>等方面,对野生猕猴桃雄性种质资源群体的遗传多样性研究尚未见报道。江西是毛花猕猴桃的主产地之一,江西农业大学猕猴桃研究团队从 2009 年开始对江西省境内的毛花猕猴桃进行种质资源调查、收集,发现多个野生毛花猕猴桃雄性群体,并从中挖掘出观赏和授粉兼用型优良株 MG-15<sup>[27]</sup>。本研究通过对江西麻姑山、庐山、武功

收稿日期:2017-10-16 接受日期:2018-01-05

基金项目:国家自然科学基金(31760559),国家科技基础性工作专项(2012FY110100-7),江西省重大科技专项(20161ACF60007),江西省现代农业产业技术体系建设专项(JXARS-05)

作者简介:钟敏,女,主要从事果树种质资源与生物技术研究。E-mail: chenmined@126.com

\* 通讯作者:徐小彪,男,教授,主要从事果树种质资源与生物技术研究。E-mail: xbxu@jxau.edu.cn

山、井冈山和南源山等地区的野生毛花猕猴桃雄株进行实地考察和样品采集,利用 15 对 SSR 引物对其遗传多样性进行分析,以期为毛花猕猴桃雄性品种选育,挖掘优异等位基因提供一定的理论基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

在江西农业大学猕猴桃研究团队 2009–2015 年

调查江西省境内野生毛花猕猴桃资源的基础上,于 2016 年 4–6 月对集中分布区于麻姑山、庐山、武功山、井冈山和南源山 5 个野生毛花猕猴桃雄性群体共 72 个样品进行取样(表 1)。按照均匀分布、随机采样的原则,选择成龄毛花猕猴桃雄性单株,样本间距离大于 50 m,对规模较少的群体(如庐山)采集所发现的全部样本。采集野生毛花猕猴桃个体的新鲜嫩叶,用有色硅胶迅速脱水干燥,常温保存,用于 DNA 提取。

表 1 野生毛花猕猴桃群体采样信息

Table 1 Sample information for each population of wild *Actinidia eriantha*

居群 Population	样品植株数 Number of plants/plant	产地 Locality	地理位置 Geographical location	海拔 Altitude/m	生境 Habitat
麻姑山 Magushan	24	江西省南城县西麻姑山	27.53°N', 116.54°E	600~1 000	山坡路旁
庐山 Lushan	11	江西省庐山	31.47°N', 115.95°E	500~700	山坡林中
井冈山 Jinggangshan	10	江西省井冈山	26.33°N', 114.11°E	800~900	山坡林中
武功山 Wugongshan	12	江西省芦溪县武功山	27.54°N', 114.30°E	300~400	山坡路旁
南源山 Nanyuanshan	15	江西省宜黄南源山	27.45°N', 116.44°E	300~500	山坡路旁

### 1.2 方法

1.2.1 DNA 提取 选用改良的 CTAB 法<sup>[28]</sup>提取野生毛花猕猴桃叶片基因组 DNA;采用 1% 琼脂糖凝胶对 DNA 质量进行检测,将提取的 DNA 样品于 -20℃ 保存备用。

1.2.2 SSR-PCR 扩增 从 80 对 SSR 引物筛选出 15 对多态性较好的 SSR 引物(表 2)进行扩增。扩增体系为 10 μL,包含 2×Taq PCR Mix[天根生化科技(北京)有限公司]5 μL,上下游引物各 0.8 μL,模板 DNA 1 μL, ddH<sub>2</sub>O 2.4 μL。PCR 扩增程序:94℃ 预变性 3 min,94℃ 变性 30 s,52~62℃ 退火 30 s,72℃ 延伸 30 s,28~34 个循环;72℃ 终延伸 10 min,12℃ 保存。PCR 扩增产物采用 8% 的非变性 PAGE 电泳,快速银染法检测并拍照记录<sup>[17]</sup>。

### 1.3 数据分析

以 DNA marker 作对照,拍照记录并统计清晰的 SSR 条带,从小到大依次记为 A、B、C...,应用 POPGENE V. 1.32 软件计算各居群等位基因数(number of alleles, Na)、Shannon 信息指数(Shannon's information index, I)、有效等位基因数(effective number of alleles, Ne)、Nei's 基因多样性指数(Nei's gene diversity)、观察杂合度(observed heterozygosity, Ho)、预期杂合度(expected heterozygosity, He)、多态位

点比率(proportion of polymorphic loci, PPL)等遗传多样性指标。基于 Nei's 遗传距离,利用 NTSYS-pc2.10 软件对各毛花猕猴桃群体进行聚类分析,使用 SPSS 软件对群体间的地理距离与遗传距离进行相关性分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 毛花猕猴桃 SSR 位点多态性和群体遗传多样性分析

从 80 对 SSR 引物中筛选出 15 对引物(表 2),能扩增出条带清晰、稳定性和多态性较好的条带(图 1)。由表 2、3 可知,15 对 SSR 引物在 72 份样品的扩增位点上,共检出 86 个等位基因,平均每对引物扩增出等位基因数为 5.733,扩增产物片段介于 100~300 bp 之间。每对引物扩增有效等位基因数介于 1.043~8.062 之间,均值为 3.002,多态性位点百分率为 100%。Nei's 遗传多样性指数为 0.507,Shannon 信息指数为 1.046,表观杂合度介于 0.042~0.819 之间,预期杂合度介于 0.041~0.882 之间,表明江西地区的毛花猕猴桃群体在分子水平具有丰富的多态性。除 5 号与 61 号引物外,其他引物表观杂合度均小于预期杂合度,表明在野生毛花猕猴桃雄性群体中存在杂合子不足的现象。

表 2 15 对引物基本信息  
Table 2 Information of 15 pairs of primers

引物名称 Primer name	序列(5'-3') Sequence(5'-3')	退火温度 Annealing temperature/°C	等位基因长度 Allele size range/bp	来源 Reference
1	AACTAAGAAACGGGACCATTG	62	150~200	[29]
4	CCCTTCATCATAATACGAGTC	53	100~150	[29]
5	GTTGTTGAGGTGATTGTTGATG	61	150~200	[29]
11	CCCCTCATGTGAAAGCATCC	62	150~200	[29]
13	ACTAACAGACAAAACTGGGGG	58	200~250	[29]
14	TTGAGGGCTTGATGAAAAC	61	150~200	[29]
15	CCGTCTCAGCAGATGTCACAT	52	150~200	[29]
22	TACACCTGATGAGATGGACGAC	54	200~250	[29]
27	TGGCGACATGGTCTTCTTAG	54	100~150	
53	TTCCTTAATCCAGGGTCTCG	63	150~200	
50	GAGTCGGGAGCATAATTGGT	54	250~300	
61	TGATGCTCCAGTCCAAGTA	53	200~250	
UDK97-408	GTGCTCCTCCGTCCATGTAT	64	100~150	[30]
UDK99-143	TGGTGTAAGTCAAAAACAGCC	59	100~200	[30]
UDK96-035	AAGAGCCATAGCTTATTCACCG	60	100~150	[30]

表 3 15 个 SSR 位点的遗传多样性参数  
Table 3 15 primers used for SSR amplification and genetic parameters for each loci

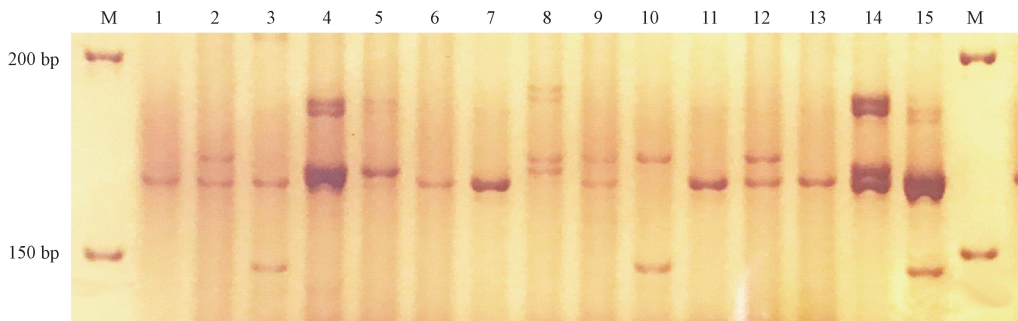
引物名称 Primer name	等位基因数 Na	有效等位 基因数 Ne	Shannon 信息指数 I	表观杂 合度 Ho	预期杂 合度 He	遗传分化系数 Inbreeding coefficient	Nei's 遗传多样性指数 Nei's genetic diversity index	多态位点百分率 Proportion of polymorphic loci/%
1	9	6.131	1.937	0.542	0.843	0.157	0.837	100
4	3	1.995	0.772	0.097	0.502	0.303	0.499	100
5	4	1.120	0.269	0.111	0.108	0.074	0.107	100
11	3	2.467	0.976	0.183	0.599	0.326	0.595	100
13	4	1.607	0.707	0.208	0.380	0.253	0.378	100
14	5	1.492	0.69	0.183	0.332	0.269	0.330	100
15	5	1.579	0.731	0.254	0.369	0.398	0.367	100
22	3	2.065	0.84	0.282	0.519	0.048	0.516	100
27	4	1.654	0.691	0.343	0.398	0.079	0.395	100
50	5	2.657	1.159	0.319	0.628	0.094	0.624	100
53	3	1.923	0.703	0.211	0.483	0.504	0.480	100
61	3	1.043	0.115	0.042	0.041	0.198	0.041	100
UDK97-408	10	3.178	1.620	0.528	0.690	0.087	0.876	100
UDK99-143	13	8.062	2.246	0.819	0.882	0.066	0.685	100
UDK96-035	12	8.056	2.226	0.486	0.882	0.124	0.876	100
平均值 Mean	5.733	3.002	1.046	0.307	0.511	0.201	0.507	100

5 个毛花猕猴桃群体中多态性位点百分率最高的为庐山群体(100%),Nei's 遗传多样性指数(0.500)

也最高,15 对引物共检测到 55 个位点,所有位点均具多态性(100%);南源山群体中检测到的位点数最多,

为 62 个位点,多态性位点百分率达到 93.3%;麻姑山群体的多态性位点百分率最低,为 80.0%,Nei's 遗传多样性指数也最低(0.324)。群体平均多态性百分率

达 89.3%,群体的 Nei's 遗传多样性指数的范围介于 0.324~0.500,平均为 0.421,Shannon 信息指数介于 0.649~0.954,平均为 0.811(表 4)。



注:M;Marker; 1~15;南源山群体。

Note: M;Marker. 1-15; Nanyuanshan population.

图 1 SSR 引物对的扩增谱带

Fig.1 SSR amplification of primer pairs

表 4 野生毛花猕猴桃群体的遗传多样性

Table 4 Genetic diversity of wild *Actinidia chinensis* populations

群体 Population	等位基因数 Na	有效等位 基因数 Ne	Shannon 信息指数 I	Nei's 遗传多样性指数 Nei's genetic diversity index	多态位点百分率 Proportion of polymorphic loci/%
麻姑山 Magushan	3.333	2.077	0.649	0.324	80.0
庐山 Lushan	3.667	2.722	0.924	0.500	100
井冈山 Jinggangshan	3.800	2.646	0.954	0.496	86.7
武功山 Wugongshan	3.133	1.899	0.692	0.368	86.7
南源山 Nanyuanshan	4.133	2.400	0.834	0.414	93.3
群体水平 Population level	3.613	2.349	0.811	0.421	89.3
总水平 Total level	5.733	3.002	1.046	0.507	100

## 2.2 群体遗传分化和遗传距离分析

由表 5 可知,5 个毛花猕猴桃群体 Nei's 遗传距离范围介于 0.102~0.409 之间,均值为 0.253;遗传一致度范围为 0.665~0.903,其均值为 0.731。其中,武功山群体和井冈山群体之间的遗传距离最小,麻姑山群

体和武功山群体的遗传距离最大。为分析距离对不同群体遗传的影响,对各群体间的地理距离(表 6)和遗传距离进行相关性分析,结果表明,群体间的遗传距离与地理距离之间无显著相关性( $r=0.334, P=0.345>0.05$ )

表 5 毛花猕猴桃群体间的 Nei's 遗传距离和遗传一致度

Table 5 Genetic distance and genetic identity different populations

群体 Population	麻姑山 Magushan	庐山 Lushan	井冈山 Jinggangshan	武功山 Wugongshan	南源山 Nanyuanshan
麻姑山 Magushan	-	0.731	0.669	0.665	0.887
庐山 Lushan	0.313	-	0.801	0.761	0.796
井冈山 Jinggangshan	0.402	0.222	-	0.903	0.793
武功山 Wugongshan	0.409	0.274	0.102	-	0.791
南源山 Nanyuanshan	0.120	0.228	0.232	0.235	-

注:上三角;Nei's 遗传一致度;下三角;遗传距离。

Note: Above diagonal: Genetic identity. Below diagonal: Genetic distance.



表 6 毛花猕猴桃雄株群体间地理距离

Table 6 Geographic distance between male *Actinidia eriantha* populations

种群 Population	麻姑山 Magushan	庐山 Lushan	井冈山 Jinggangshan	武功山 Wugongshan	南源山 Nanyuanshan
麻姑山 Magushan	-	-	-	-	-
庐山 Lushan	441.4	-	-	-	-
井冈山 Jinggangshan	261.6	574.6	-	-	-
武功山 Wugongshan	239.3	471.1	110.8	-	-
南源山 Nanyuanshan	13.9	449.1	248.3	229.1	-

### 2.3 聚类分析

利用 Nei's 遗传距离对 5 个群体进行 UPGMA 聚类分析。由图 2 可知,井冈山群体与武功山群体的遗传距离最近,聚为一类,麻姑山与南源山群体聚在一起,庐山群体与其他群体的遗传距离较大,单独聚为一类。

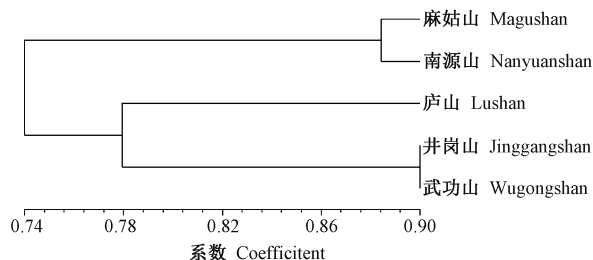


图 2 5 个毛花猕猴桃雄株不同群体的 UPGMA 聚类图

Fig.2 UPGMA dendrogram of different groups of five male *Actinidia eriantha* populations

## 3 讨论

本研究中毛花猕猴桃雄株的遗传参数 ( $N_e = 3.002$ 、 $I = 1.046$ ) 表明,野生毛花猕猴桃具有丰富的遗传多样性,这与汤佳乐等<sup>[30]</sup>的研究结果一致。此外,毛花猕猴桃雄株群体大部分位点表现出一定程度的多态性,各群体多态性位点百分率介于 80%~100% 之间。毛花猕猴桃群体的遗传参数 ( $N_e = 2.3485$ 、 $I = 0.8107$ 、 $Nei's = 0.4205$ ) 表明群体水平上的遗传多样性较高,与杨妙贤等<sup>[16]</sup>的结果一致。5 个毛花猕猴桃群体中遗传多样性最高的为庐山群体 ( $Nei's = 0.500$ ),最低的为麻姑山群体 ( $Nei's = 0.324$ ),进一步分析表明,庐山群体采自自然保护区,人为干扰少,从而保留了较高的遗传多样性,其他样本均来自于路旁,人为干扰较大。麻姑山地区样本量虽然较大,但毛花猕猴桃雄株在山北面潮湿地区分布较为集中,亲缘关系较近,

这可能是麻姑山群体 Nei's 遗传多样性水平低于其他群体的原因。江西猕猴桃野生资源丰富,在野生条件下毛花猕猴桃与中华猕猴桃、京梨猕猴桃等不同种猕猴桃群居一起<sup>[31]</sup>,异花授粉增加了基因重组和变异的概率<sup>[32]</sup>,因此遗传多样性较高。此外,种子繁殖是一种重要的繁殖方式,毛花猕猴桃果实成熟后被动物取食,分散,从而提高了居群的遗传多样性<sup>[33]</sup>。

研究认为,孤立的居群中有亲缘关系的个体发生杂交,可能会出现明显的杂合子缺失现象<sup>[33]</sup>。本研究中,大多数位点的表观杂合度小于预期杂合度,出现轻微的杂合子缺失现象,在很多种群中也有相似的情况<sup>[33-34]</sup>。一般认为,遗传分化系数  $F_{st}$  值大于 0.15,群体间的遗传分化较大<sup>[35]</sup>。本研究中毛花猕猴桃遗传分化系数的平均值为 0.201,同时群体遗传多样性水平均低于总体水平,表明群体间基因交流有限,在毛花猕猴桃群体间存在较大的遗传分化,这与刘亚令等<sup>[36]</sup>的研究结果一致。自然条件下毛花猕猴桃花粉主要通过风媒传播,花期在每年 5-6 月,此时江西地区雨水偏多,极大地影响了毛花猕猴桃花粉形式的基因交流。同时,群体间有山脉的阻挡,动物活动受限,导致群体间的基因交流较少,这可能是野生毛花猕猴桃群体间的地理距离和遗传距离间无相关性的主要原因<sup>[33]</sup>。

## 4 结论

本研究对江西地区野生毛花猕猴桃遗传多样性进行分析,表明毛花猕猴桃雄株在物种水平和群体水平遗传多样性较高,5 个毛花猕猴桃雄性群体的遗传多样性丰富度依次为庐山>井冈山>南源山>武功山>麻姑山。本试验结果为阐明毛花猕猴桃的种质遗传多样性,毛花猕猴桃种质的保存及利用提供了一定的理论依据。在本研究种质收集和保存的基础上,开发出大量的 SSR 分子标记,再利用生物信息学方法,能迅速

寻找到大量的遗传差异,结合猕猴桃雄株的重要性状,如花粉量、花期、花色等,可以挖掘出影响猕猴桃性状的基因,更好地开发和利用猕猴桃雄性资源。

## 参考文献:

- [ 1 ] Varkonyi G, Erika L, Robyn H, Sarah M A, Wu R, Roger P. Kiwifruit floral gene *APETALA2* is alternatively spliced and accumulates in aberrant indeterminate flowers in the absence of miR172[J]. *Plant Molecular Biology*, 2012, 78(4): 417-429
- [ 2 ] 栗琪,李作洲,黄宏文. 猕猴桃野生居群的 SSR 分析初报[J]. *武汉植物学研究*, 2004, 22(2):175-178
- [ 3 ] Seal, A G. Plant breeding challenges to making kiwifruit a worldwide mainstream fresh fruit[J]. *Acta Horticulturae*, 2003, 610:75-80
- [ 4 ] 余敷霖,王慧明. 毛花猕猴桃-沙农 18 号[J]. *福建果树*, 1981(2):25-26
- [ 5 ] 谢鸣,吴延军,蒋桂华,张庆朝,张慧琴,彭尚进,刘康猛. 大果毛花猕猴桃新品种‘华特’[J]. *园艺学报*, 2008, 35(10): 1555-1561
- [ 6 ] 徐小彪,黄春辉,曲雪艳,陈明,钟敏,郎彬彬,张文标. 毛花猕猴桃新品种‘赣猕 6 号’[J]. *园艺学报*, 2015, 42(12):2539-2540
- [ 7 ] 张慧琴,谢鸣,肖金平,周利秋,宋根华. 毛花猕猴桃‘华特’果实发育特性研究[J]. *果树学报*, 2015, 32(2):238-246
- [ 8 ] 曲雪艳,郎彬彬,钟敏,朱博,陶俊杰,黄春辉,徐小彪. 野生毛花猕猴桃果实品质主成分分析及综合评价[J]. *中国农学通报*, 2016, 32(1):92-96
- [ 9 ] 戚雯烨,周晨卉,宋丽君,钟雨,郑小林. 毛花猕猴桃‘华特’果实采后糖代谢研究[J]. *果树学报*, 2016, 33(6):744-751
- [ 10 ] 杨鲁琼. 花粉直感对‘布鲁诺’、‘华特’猕猴桃果实品质影响的研究[D]. 金华:浙江师范大学, 2015
- [ 11 ] 杨鲁琼,常路伟,张慧琴,谢鸣. 猕猴桃花粉直感现象的研究进展[J]. *安徽农业科学*, 2015, 43(9):26-27
- [ 12 ] 吴寒,张晓慧,朱博,曲雪艳,黄春辉,徐小彪. 野生毛花猕猴桃雌株花粉活性比较[J]. *中国南方果树*, 2014, 43(3):118-123
- [ 13 ] 王斯妤,钟敏,廖光联,陈璐,徐小彪. 不同猕猴桃雌株花粉量及花粉活力差异研究[J]. *江西农业大学学报*, 2017, 39(3): 460-467
- [ 14 ] 钟敏,谢敏,张文标,陶俊杰,黄春辉,朱博,徐小彪. 野生毛花猕猴桃雌株居群花粉形态观察[J]. *果树学报*, 2016, 33(10):1251-1258
- [ 15 ] 翟金良. 我国猕猴桃产业存在的问题及发展对策[J]. *科技促进发展*, 2015(4): 521-529
- [ 16 ] 杨妙贤,潘伟明,周玲艳,刘文,叶婵娟,刘胜洪,梁红. 3 个野生毛花猕猴桃居群的 SSR 多样性分析[J]. *华南师范大学学报(自然科学版)*, 2014, 46(4):87-92
- [ 17 ] Powell W, Morgante M, Andre C, Hanafey M, Vogel J, Tingey, S L. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis[J]. *Molecular Breeding*, 1996, 2(3):225-238
- [ 18 ] 陆敏佳,蒋玉蓉,陆国权,陈国林,毛前. 利用 SSR 标记分析藜麦品种的遗传多样性[J]. *核农学报*, 2015, 29(2):260-269
- [ 19 ] 赵雅楠,王颖,张东杰,王丽侠,佐兆杭. 中国东北地区绿豆种质资源遗传多样性的 SSR 分析[J]. *核农学报*, 2017, 31(12): 2340-2349
- [ 20 ] 董研,张军,任亚超,韩志校. 中国新疆野苹果天然群体遗传多样性 SSR 分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2013, 14(5):771-777
- [ 21 ] 杨军,曹玉芬,吴俊,田路明,董星光,高原. 杜梨实生繁殖群体遗传多样性的 SSR 分析[J]. *西北植物学报*, 2011, 31(11): 2172-2177
- [ 22 ] 艾呈祥,秦志华,王洁,王长君,安森. 山东牛心柿群体遗传多样性和亲缘关系的 SSR 分析[J]. *果树学报*, 2013, 30(4):558-562
- [ 23 ] 宛甜,蔡宇良,冯瑛,张雪,何恒流. 野生毛樱桃 SSR 遗传多样性和遗传结构分析[J]. *西北植物学报*, 2013, 33(8):1544-1550
- [ 24 ] 刘亚令. 猕猴桃属植物自然居群的遗传结构与种间基因渐渗研究[D]. 武汉:华中农业大学, 2006
- [ 25 ] 汤佳乐,吴寒,郎彬彬,曲雪艳,黄春辉,徐小彪. 野生毛花猕猴桃叶片和果实 AsA 含量的 SSR 标记关联分析[J]. *园艺学报*, 2014, 41(5):833-840
- [ 26 ] 王斯妤,钟敏,黄春辉,陶俊杰,曲雪艳,吴寒,徐小彪. 猕猴桃属 33 份核心雄性种质 SSR 指纹图谱构建[J]. *分子植物育种*, 2018, 16(5):1598-1606
- [ 27 ] 钟敏,黄春辉,朱博,陶俊杰,曲雪艳,吴寒,徐小彪. 毛花猕猴桃观赏授粉兼用型优株 MG-15[J]. *中国果树*, 2017(2):71-101
- [ 28 ] 芦娟,柴春山,吴文俊,戚健莉. 文冠果干燥叶片高质量 DNA 提取方法研究[J]. *湖南农业科学*, 2013(5):1-4
- [ 29 ] 孟蒙,唐维,刘嘉,黄胜雄,余进德,刘方方,刘永胜. 基于中华猕猴桃“红阳”转录组序列开发 EST-SSR 分子标记[J]. *应用与环境生物学报*, 2014, 20(4): 564-570
- [ 30 ] 汤佳乐,黄春辉,吴寒,郎彬彬,曲雪艳,徐小彪. 野生毛花猕猴桃果实表型性状及 SSR 遗传多样性分析[J]. *园艺学报*, 2014, 41(6):1198-1206
- [ 31 ] 徐小彪. 江西猕猴桃资源的分布与评价[C]//中国园艺学会第八届青年学术讨论会暨现代园艺论坛论文集. 上海:中国园艺学会, 2008:232-233
- [ 32 ] 郝蕾,张磊,张国盛,王颖,韩胜利,白玉荣. 北沙柳群体遗传多样性和遗传结构分析[J]. *西北植物学报*, 2017, 37(8): 1507-1516
- [ 33 ] 胡苑,罗意,阳亿,张志勇,范邓妹. 野生桂花的遗传多样性和遗传结构研究[J]. *园艺学报*, 2014, 41(7): 1427-1435
- [ 34 ] Zhe W, Ming K, Liu H, Jiao G, Zhang Z D, Li Y Y, P X M. High-level Genetic diversity and complex population structure of siberian apricot (*Prunus sibirica* L.) in China as revealed by nuclear SSR markers[J]. *PLoS One*, 2014, 9(2): 873-881
- [ 35 ] Frankham R, Ballou J D, Briscoe D A. *Introduction to Conservation Genetics*[M]. Cambridge:Cambridge University Press, 2002:309-336
- [ 36 ] 刘亚令,李作洲,姜正旺,刘义飞,黄宏文. 中华猕猴桃和美味猕猴桃自然居群遗传结构及其种间杂交渐渗[J]. *植物生态学报*, 2008, 16(3): 704-718

## Analysis of Genetic Diversity of Populations in *Actinidia eriantha* Benth. Based on Simple Sequence Repeat (SSR) Markers

ZHONG Min<sup>1,2</sup> TAO Junjie<sup>2</sup> HUANG Chunhui<sup>2</sup> HUANG Qing<sup>2</sup> ZOU Liangfeng<sup>2</sup>  
LIAO Guanglian<sup>2</sup> CHEN Lu<sup>2</sup> XU Xiaobiao<sup>1,2,\*</sup>

(<sup>1</sup>College of Forestry, Jiangxi Agricultural University, Nanchang, Jiangxi 330045;<sup>2</sup>Kiwifruit Institute of  
Jiangxi Agricultural University, Nanchang, Jiangxi 330045)

**Abstract:** In order to analyse genetic diversities of 72 individuals from five wild male populations of *Actinidia eriantha* in Jiangxi province of China, we selected 15 pairs of primers with high polymorphism and used polyacrylamide gel electrophoresis to detect PCR products based on SSR technique. A total of 86 polymorphic loci were identified using 15 pairs of primers, and 100% of the loci identified were polymorphic. The mean number of observed number of alleles, effect alleles per locus and Shannon's information index was 5.733, 3.002 and 1.046, respectively. Observed heterozygosity, expected heterozygosity and the genetic differentiation coefficient was ranged about 0.042~0.819, 0.041~0.876 and 2.01, respectively, which meant that there were large genetic differences among the wild male *A. eriantha* populations. The genetic distance and the genetic identity of the five populations were 0.102~0.409 and 0.665~0.903 respectively, and no relationship was observed between genetic distance and geographical distance. The relative richness of genetic diversity among the five wild male *A. eriantha* populations was as following: Lushanshan >Jingangshan > Nanyuanshan >Wugongshan >Magushan. The results of this study showed that a high level of genetic diversity was existed in male *A. eriantha* of Jiangxi province, and the results can also be useful for breeding new varieties of *A. eriantha* and germplasm innovation and utilization.

**Keywords:** *Actinidia eriantha* Benth., SSR, genetic diversity