



华晓琴,马鸿文,俞天泉,等.石羊河流域中下游柠条锦鸡儿种群遗传结构分析[J].黑龙江农业科学,2025(4):61-67.

# 石羊河流域中下游柠条锦鸡儿种群遗传结构分析

华晓琴<sup>1,2</sup>,马鸿文<sup>1,2</sup>,俞天泉<sup>1,2</sup>,闫海旺<sup>3</sup>,李 浩<sup>4</sup>

(1.武威市国家杨树樟子松良种基地,甘肃 武威 733000; 2.武威市林业综合服务中心,甘肃 武威 733000; 3.古浪县林业技术服务中心,甘肃 武威 733100; 4.北京林业大学 林学院,北京 100083)

**摘要:**为研究石羊河流域中下游 5 个柠条锦鸡儿(*Caragana korshinskii*)种群的遗传结构和多样性,利用 ITS 与 psbA-trnH 联合序列对石羊河流域中下游 5 个柠条锦鸡儿种群中样本进行物种鉴定,再对 5 个柠条锦鸡儿种群的遗传结构和遗传多样性进行分析。结果表明,(1)5 个种群中优势种为柠条锦鸡儿;(2)柠条锦鸡儿种群共存在 20 个单倍型,以原始单倍型 Hap1 为节点形成了一个大分支,以 Hap9、Hap10 和 Hap12 为节点形成了 3 个小分支,其中,阿拉古山种群中单倍型最为丰富,阿拉古山种群与扎子沟种群中单倍型突变方向差异最大;(3)柠条锦鸡儿群体间变异为 14.28%,群体内的变异为 85.72%,柠条锦鸡儿群体分化指数在 0.02~0.27 之间。群体间存在遗传分化,其中,八步沙种群与阿拉古山、扎子沟种群间的群体遗传分化最大。由此可见,柠条锦鸡儿阿拉古山种群、扎子沟种群、八步沙种群群体遗传结构存在差异,可以作为下一步柠条锦鸡儿育种的种质材料。

**关键词:**石羊河流域中下游;柠条锦鸡儿;单倍型;ITS 序列;群体遗传多样性

柠条锦鸡儿(*Caragana korshinskii*)是豆科(Fabaceae)锦鸡儿属(*Caragana*)落叶灌木,分布于宁夏、陕西、甘肃、内蒙古等地,生于半荒漠或荒漠地区,抗逆性强,常用于防风固沙、水土保持及沙漠化治理<sup>[1]</sup>,根系具固氮根瘤菌,对贫瘠沙地具有改良作用,枝叶蛋白质含量高,是优良饲料<sup>[2-3]</sup>,是“三北”地区防风固沙、生态修复主要造林树种之一,每年苗木需求量巨大。

目前针对柠条锦鸡儿的研究重点集中在造林、生理、生态等方面<sup>[4-6]</sup>,对柠条锦鸡儿遗传多样性研究较少。林木种质资源是遗传多样性和物种多样性的基础,也是林木育种的重要物质基础<sup>[7]</sup>,而遗传多样性分析在开展植物新品种选育、功能基因定位、生物多样性保存等方面均具有重要意义<sup>[8]</sup>,是林木遗传育种的基础。遗传多样性表示物种内基因的丰富程度及变异状况,遗传多样性越丰富对环境变化的适应能力越强<sup>[9]</sup>。在石羊河流域中下游干旱河岸及腾格里沙漠、巴丹吉林沙漠边缘均有较大面积的柠条锦鸡儿天然群落。这些分布点的气候、土壤差异较大,且分布点间直线距离较大,种群间具有地理隔离,人为干扰因素少,具备种群间遗传变异的基础,种群间可能具有较大的遗传分化。研究表明该群落中柠条锦鸡儿的重要值和生态位宽度明显高于其他物种<sup>[10]</sup>。

但柠条锦鸡儿形态特征与生长环境关系密切,干旱荒漠区植物生长量小、叶片趋于退化,仅从形态特征上无法准确鉴定物种并通过表型特征对遗传多样性进行研究。因此,本研究利用 ITS 与 psbA-trnH 联合序列对石羊河流域中下游天然分布的柠条锦鸡儿构建系统发育树,鉴定该地区天然林中优势物种是否为柠条锦鸡儿,再基于 IST 序列多态性及单倍型多样性对优势物种遗传多样性进行分析,并进行种群遗传结构分析,为选育适应该区域的柠条锦鸡儿良种提供理论依据。

## 1 研究区概况与研究方法

### 1.1 样本采集

于 2023 年 6 月、8 月,根据柠条锦鸡儿形态特征分两次在石羊河流域中下游的腾格里沙漠和巴丹吉林沙漠边缘的沙滩地、干旱河岸、半沙化土地及流动沙丘采集柠条锦鸡儿叶片,具体地点如图 1 所示。每个采样点,随机选择 10 个单株,以株为单位采集叶片,进行物种鉴定;根据鉴定结果在 5 个天然林分中以株为单位采集柠条锦鸡儿叶片,进行遗传多样性分析,每个单株分布距离 $\geq 100$  m,样品编号及数量对应采集地点见表 1,叶片采集后保存于实验室 4℃冰箱,用于植物基因组 DNA 提取。

收稿日期:2025-02-25

基金项目:甘肃省青年基金计划(22JR5RH1034);2022 年甘肃省林业和草原科技项目(2022kj015)。

第一作者:华晓琴(1988—),女,硕士,高级工程师,从事林木良种选育研究。E-mail:278689104@qq.com。

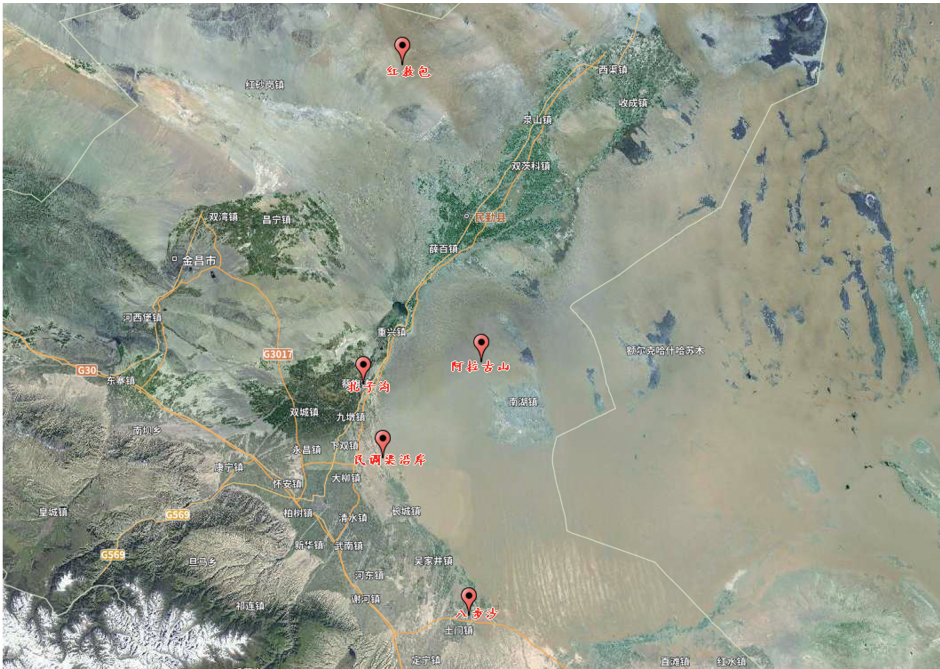


图 1 锦鸡儿属植物样品采集点位置图  
注：红色点表示采集地。

表 1 石羊河流域锦鸡儿属植物样品采集			
编号	采集地点	数量	
		物种鉴定	遗传多样性鉴定
A	民勤县阿拉古山	10	63
B	民勤县扎子沟	10	56
C	民勤县红放包	10	56
D	古浪县八步沙	10	50
E	凉州区民调渠沿线	10	31

1.2 基因组 DNA 提取

取上述新鲜的植物样品 0.1 g,按北京金沙生物科技有限公司生产的高效植物基因组 DNA 提取试剂盒(试剂盒货号 DE711-50)提取基因组 DNA,基因组提取按说明书操作,提取到的基因组 DNA 用于靶标片段聚合酶链式反应扩增。

1.3 PCR 扩增

PCR 反应体系(25  $\mu$ L):诺唯赞生物技术有限公司生产的 2  $\times$  Taq Plus Master Mix (Dye Plus)PCR Mix (货号 P212) 12.5  $\mu$ L,上下游引物各 1  $\mu$ L,DNA 模板 1  $\mu$ L,双蒸水 9.5  $\mu$ L,对于难于扩增的加入牛血清与海藻糖溶液<sup>[11]</sup>。(1)ITS 扩增序列所用引物(5'~3') ITS-5F: ATGCG-ATACTTGGTGTGAAT; ITS-3R: GACG-CT-TCTCCAGACTACAAT,扩增程序为 94  $^{\circ}$ C 持续 4 min,(94  $^{\circ}$ C 持续 30 s,53  $^{\circ}$ C 持续 40 s, 72  $^{\circ}$ C 持续 40 s,35 次循环),最后延伸 72  $^{\circ}$ C 持续 7 min<sup>[12-13]</sup>。

(2) psbA-trnH 扩增序列所用引物(5'~3')为 Hps-bA-5F: GTTATGCATGAACGTAATGCTC ; trnH-3R: CGCGCATGGTGGAT-TCACAAAT,扩增程序为 94  $^{\circ}$ C 持续 4 min,(94  $^{\circ}$ C 持续 30 s, 52  $^{\circ}$ C 持续 40 s, 72  $^{\circ}$ C 持续 1 min,35 次循环),最后延伸 72  $^{\circ}$ C 持续 10 min<sup>[13-14]</sup>。

扩增的 PCR 产物通过琼脂糖凝胶电泳检测有条带后,PCR 产物直接送北京擎科生物股份有限公司测序。测序结果用生物信息学软件 bioedit进行序列比对分析<sup>[15]</sup>,参考序列的下载使用 TBtools 序列获取功能<sup>[16]</sup>,序列的比对使用 MEGA11<sup>[17]</sup>与 phylosuit 软件中 MAFF 功能以及序列的格式转换以及模型分析<sup>[18]</sup>等。

1.4 数据分析

构建系统发育树所用到的锦鸡儿属植物及外类群黄芪(*Astragalus membranaceus*)、山岩黄芪(*Hedysarum alpinum*) ITS 序列与 psbA-trnH 序列的参考序列均从 NCBI 中 GenBank 获得。

使用 MEGA 11 (Molecular Evolutionary Genetics Analysis)软件对 ITS 序列的长度、变异位点等特征进行统计分析,再用 Arlequin 3.0 软件中的分子变异分析程序(AMOVA)计算群体遗传差异指数 Fst 值,利用软件 Dnasp version 6. 12. 03 与 PopART version 1. 7 构建柠条锦鸡儿群体的单倍型网络图,以此进行单倍型分析。

单倍型多样性(%)=1-(2/样本数)×(1/单倍型数量)×100

2 结果与分析

2.1 基于 ITS 和 psbA-trnH 序列的物种鉴定

对采集的 50 个柠条锦鸡儿样品进行扩增测序,发现有差异的序列 25 个,ITS 序列长度约为

292 bp,psbA-trnH 序列约为 449 bp。通过 ITS 和 psbA-trnH 序列联合构建分子系统树,结果如图 2 所示,表明所采集的样品均与柠条锦鸡儿(*Caragana korshinskii*)聚在同一分支上。由此可知,在石羊河流域中下游采集的柠条锦鸡儿样品,形态学特征与分子系统鉴定的结果一致。

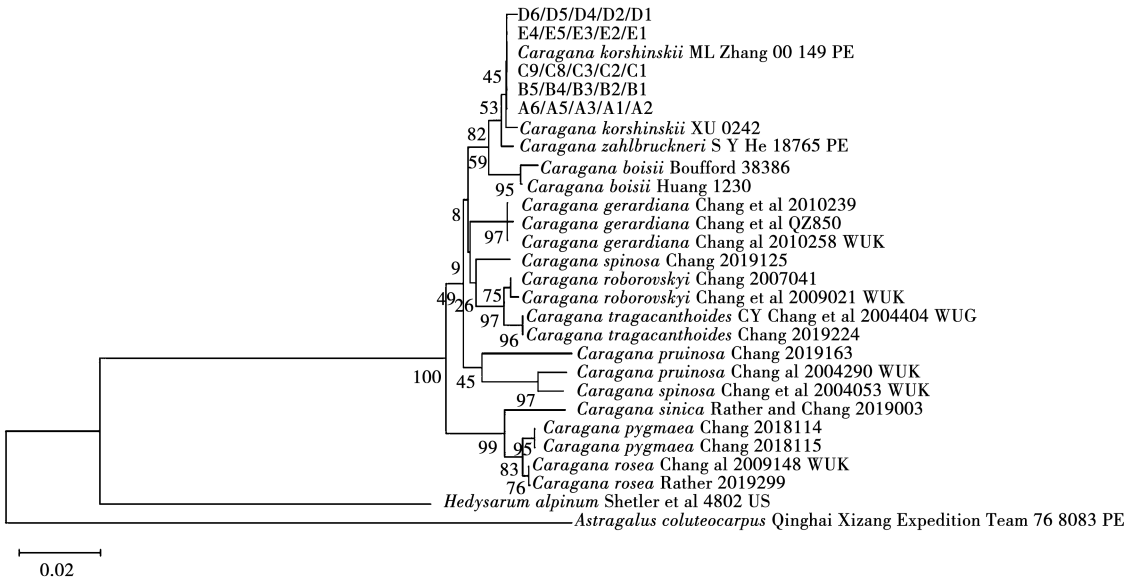


图 2 基于 ITS 和 psbA-trnH 序列构建的系统发育树

2.2 基于 ITS 序列的多态性及单倍型多样性

对 5 个柠条锦鸡儿种群中 256 个单株样本进行 PCR 扩增,获得 229 个有效 ITS 序列,对获得的序列进行测序,用 MEGA 11 软件比对分析,拼接后 ITS 序列均在 800~801 bp 之间,序列长度

变化幅度小。  
由表 2 可知,存在 20 个单倍型,即 Hap1~Hap20,在 20 个单倍型中检测到了变异位点 16 个,单倍型多样性达 99.9%,说明样本中遗传资源非常丰富。

表 2 柠条锦鸡儿群体 20 种单倍型变异位点

单倍型	192	241	315	323	324	399	405	448	499	513	625	635	639	677	708	745
Hap1	G	G	T	G	T	C	T	G	A	G	G	G	G	G	G	T
Hap2	G	G	T	G	T	C	T	G	C	G	G	G	G	G	G	T
Hap3	G	G	T	G	T	C	T	G	A	A	G	G	G	G	G	T
Hap4	G	A	G	G	T	C	G	G	A	G	G	G	G	G	G	T
Hap5	G	G	T	G	T	C	T	G	A	G	A	A	A	A	A	T
Hap6	G	A	G	G	T	C	T	G	A	G	A	G	G	G	G	T
Hap7	G	A	T	G	T	C	T	A	A	G	A	G	G	G	G	T
Hap8	G	A	T	G	T	C	G	G	A	G	G	G	G	G	G	T
Hap9	G	A	G	G	T	C	T	G	A	G	G	G	G	G	G	T
Hap10	G	A	G	G	G	C	G	G	A	G	G	G	G	G	G	T
Hap11	G	A	G	G	G	C	T	G	A	G	G	G	G	G	G	T
Hap12	G	A	T	G	T	C	T	G	A	G	G	G	G	G	G	T
Hap13	G	A	T	G	T	C	T	G	A	G	A	G	G	G	G	T
Hap14	G	A	T	G	T	C	T	A	A	G	G	G	G	G	G	T
Hap15	G	A	T	G	T	C	T	A	A	G	A	G	G	G	A	T

表 2 (续)

单倍型	192	241	315	323	324	399	405	448	499	513	625	635	639	677	708	745
Hap16	G	A	T	G	T	C	T	G	A	G	A	G	G	G	A	T
Hap17	G	G	G	G	T	C	T	G	A	G	G	G	G	G	G	T
Hap18	G	G	T	A	T	A	T	G	A	G	G	G	G	G	T	G
Hap19	A	A	G	G	G	C	T	G	A	G	G	G	G	G	G	T
Hap20	G	A	T	G	T	C	T	G	A	G	A	A	G	G	G	T

### 2.3 单倍型亲缘关系

由表 3 可知,民勤县的阿拉古山种群(编号 A)中单倍型数量最多,有 11 种,其次为红敖包(编号 C)和八步沙种群(编号 D),有 9 个单倍型,扎子沟种群(编号 B)具有 7 个单倍型。凉州区民调渠沿线种群(编号 E)中单倍型最少,只有 6 个单倍型。阿拉古山种群与扎子沟种群共有的单倍型最少,仅为存在最广泛的 Hap1、Hap9;红敖包种群与八步沙种群共有单倍型 7 个,其他种群之间共有多倍型为 4~5 个。

基于 PopART 的柠条锦鸡儿单倍型网络图结果显示,武威石羊河流域柠条锦鸡儿种群中的 20 个单倍型中 Hap1 为原始单倍型,以单倍型 Hap1 为节点形成了一个大的分支,以 Hap9、Hap10、Hap12 为节点形成了 3 个小分支。Hap1

位于整个单倍型网络图的起源,而其他单倍型都是从单倍型 Hap1 经过一步或多步突变得到的。Hap1 单倍型存在最为广泛,为 5 个种群共有, Hap9 单倍型主要来源于扎子沟和民调渠沿线种群, Hap10 单倍型主要来源于除扎子沟之外的 4 个种群, Hap12 主要来源于除阿拉古山之外的 4 个种群(图 3)。

由此可见,民勤县阿拉古山种群的遗传多样性最高,其次为民勤县红敖包种群和古浪县八步沙种群,凉州区民调渠沿岸种群遗传多样性最低;阿拉古山种群与扎子沟种群间遗传分化最大,八步沙种群与红敖包种群间遗传分化最小;阿拉古山与扎子沟种群间的遗传分化主要起源于Hap10、Hap12两个单倍型。

表 3 石羊河流域柠条锦鸡儿单倍型分布情况表

单倍型	个体数量	样品编号
Hap1	91	A1 A2 A3 A5 A6 A7 A8 A9 A10 A12 A13 A14 A16 A17 A19 A20 A22 A23 A24 A25 A26 A27 A28 A29 A31 A32 A34 A35 A36 A39 A51 A53 A60 A61 A62 B2 B3 B11 B22 B26 B32 B34 B35 B36 B38 B39 B42 B43 B44 B45 B46 B47 B53 B56 C1 C2 C3 C7 C8 C9 C12 C13 C21 C24 C28 C29 C34 C37 C39 C41 C50 C48 C53 C55 D4 D7 D22 D41 D49 D52 E1 E2 E5 E12 E13 E18 E25 E26 E27 E28 E31
Hap2	1	A11
Hap3	1	A33
Hap4	7	A40 A46 A54 C5 D17 D27 E6
Hap5	2	A41 A42
Hap6	2	A43 A45
Hap7	2	A48 A19
Hap8	1	A49
Hap9	21	A55 B27 B28 B29 B48 B49 B54 B55 B10 B17 B43 B25 B34 B38 B39 E11 E14 E17 E19 E20 E24
Hap10	35	A56 A58 A59 A63 C6 C11 C14 C15 C23 C25 C26 C27 C31 C35 C36 C38 C45 C46 C47 D2 D3 D5 D6 D10 D11 D12 D13 D14 D19 D21 D40 D44 D45 E10 E22
Hap11	14	A57 C16 C32 C42 D16 D23 D24 D31 D33 D35 D36 D42 D46 D48
Hap12	27	B4 B30 B31 B33 B37 B41 B50 B51 B58 C18 C19 C20 C49 C52 C54 D18 D32 D51 D53 E3 E4 E8 E9 E15 E16 E23 E29
Hap13	4	B6 B10 D26 D28
Hap14	1	C13
Hap15	2	B17 B18
Hap16	1	B21
Hap17	9	B25 B40 C22 D9 D20 D37 D43 D50 E21
Hap18	1	C30
Hap19	4	C33 C56 D1 D15
Hap20	3	D29 D30 D47



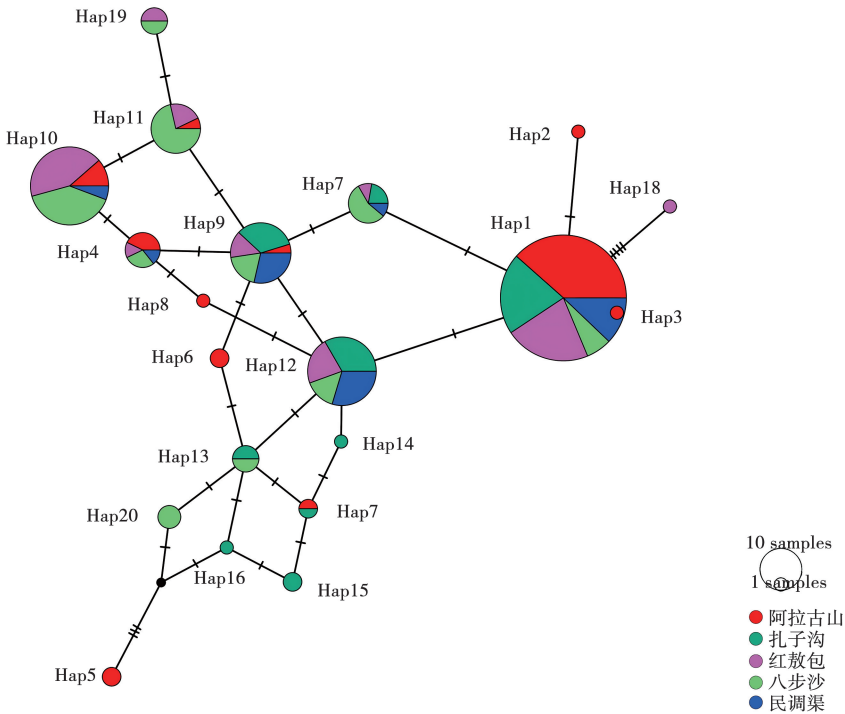


图 3 基于 MATK 序列的柠条锦鸡儿群体的 20 个单倍型网络图

2.4 群体遗传分析

分子变异方差分析结果表明,群体间的变异占比为 14.28%,群体内的变异占比为 85.72% (表 4)。群体之间的  $F_{st}$  指数在 0.02~0.27 之间 (表 5),其中古浪县八步沙种群 (编号 D) 与民勤县阿拉古山 (编号 A)、扎子沟种群 (编号 B) 间的  $F_{st}$  指数分别为 0.26 和 0.27,均大于 0.25,说明八步沙种群与阿拉古山、扎子沟种群间存在很大的遗传分化;阿拉古山与扎子沟种群、扎子沟与凉州区民调渠沿岸种群 (编号 E)、民勤县红敖包 (编号 C) 与八步沙种群间的  $F_{st}$  指数分别为 0.05, 0.02 和 0.04,均小于 0.05,说明这 3 个种群之间的遗传分化较小,基本可以忽略;红敖包与阿拉古山、扎子沟、民调渠沿线种群间的  $F_{st}$  指数分别为 0.12, 0.15 和 0.06,介于 0.05~0.15 之间,说明民勤县红敖包与阿拉古山、扎子沟种群和民调渠沿线的遗传分化中等;八步沙与凉州区民调渠沿岸种群间的  $F_{st}$  值为 0.17,在 0.15~0.25 之间,说明这两个种群间遗传分化程度较大。

表 4 不同柠条锦鸡儿群体的分子变异方差分析

变异来源	自由度	平方和	变异组成	变异占比	P
群体间	4	30.607	0.14896Va	14.28	<0.0001
全体内	224	200.349	0.89442Vb	85.72	<0.0001
总数	228	230.956	1.04338		

表 5 柠条锦鸡儿各群体间的  $F_{st}$  指数

种群	阿拉古山	扎子沟	红敖包	八步沙	民调渠沿线
阿拉古山	0				
扎子沟	0.05	0			
红敖包	0.12	0.15	0		
八步沙	0.26	0.27	0.04	0	
民调渠沿线	0.06	0.02	0.06	0.17	0

3 讨论

ITS 是植物核糖体 DNA 内转录间隔区,由 18S 与 5.8S 之间的 ITS1 和 5.8S 与 28S 之间的 ITS2 组成<sup>[19]</sup>。psbA-trnH 序列是位于叶绿体 DNA 基因组中的 *psbA* 基因和 *trnH* 基因之间的一段非编码序列<sup>[20]</sup>,广泛用于植物、微生物近缘种鉴定及不同种质资源的遗传多样性研究。Rather 等<sup>[21-22]</sup>研究发现 ITS 与 trn-psbA 作为锦鸡儿属种的分子鉴定 DNA 优于单独 ITS。本研究根据柠条锦鸡儿形态特征在试验点采集样本后通过 ITS 与 psbA-trnH 联合序列鉴定为柠条锦鸡儿,说明系统发育与形态鉴定是一致的。

单倍型常用于遗传多样性与遗传结构、生物地理谱系、优异单倍型发掘等研究<sup>[23-24]</sup>,单倍型 Hap1 存在于每个柠条锦鸡儿种群中,由此可以判断 Hap1 为较古老的单倍型,其他单倍型由此

进化而来。阿拉古山种群单倍型最为丰富,这可能与阿拉古山柠条锦鸡儿种群包含个体数量多、面积大<sup>[25]</sup>且天然更新良好<sup>[26]</sup>,具有基因变异发生条件有关。阿拉古山种群与扎子沟种群间遗传多样性差异最大,这与扎子沟种群从单倍型 Hap1 未突变出单倍型主要分支 Hap10 的结果相对应。

分子变异方差分析结果表明柠条锦鸡儿群体间的变异占比为 14.28%,群体内的变异占比为 85.72%,说明柠条锦鸡儿的变异主要来自种群内部,这与王赞等<sup>[27]</sup>对柠条锦鸡儿表型特征遗传多样性研究发现居群内平均表型变异占 80% 的结果一致。这可能与不同采样点间地理隔离且人为干扰较少,种群基因交流受限,导致群体间变异较少;而柠条锦鸡儿为异花授粉植物<sup>[28]</sup>,异花授粉加剧种群内遗传分化有关。

Fst 常用来表示群体间的遗传分化程度,用于筛选单倍型,在 0~1 的范围内,Fst 指数越大,群体间的分化程度越高<sup>[29]</sup>。柠条锦鸡儿群体分化指数在 0.02~0.27 之间,进一步证实种群间存在遗传分化,其中八步沙种群与阿拉古山、扎子沟种群间的群体分化指数较高,八步沙处于绿洲-沙漠过渡带,土壤水分、降水量较阿拉古山、扎子沟高,这与研究发现种群遗传多样性与降水、生长季节相对湿度有关的结论相对应<sup>[30]</sup>;在单倍型分析中遗传多样性最大的阿拉古山和扎子沟种群间的 Fst 指数较低,显示遗传分化程度低,这可能是由于这两个种群中拥有 Hap1 单倍型的个体较多引起的,但具体原因需后续进一步研究。

在今后研究中可以结合不同种群生长、抗逆表现,可将阿拉古山种群、扎子沟种群、八步沙种群作为下一步柠条锦鸡儿育种的种质资源。

## 4 结论

综上所述,本研究采用 ITS 与 psbA-trnH 联合序列对石羊河流域中下游不同种群样本进行鉴定,结果表明根据柠条锦鸡儿表型特征所采样本均为柠条锦鸡儿。柠条锦鸡儿存在 20 个单倍型,其中 Hap1 为原始单倍型,以单倍型 Hap1 为节点形成了一个分支,以 Hap9、Hap10、Hap12 为节点形成了 3 个分支。其中,阿拉古山种群单倍型最为丰富,阿拉古山种群与扎子沟种群中单倍型突变方向差异最大。柠条锦鸡儿群体间变异占 14.28%,群体内的变异占 85.72%,柠条锦鸡儿群体分化指数在 0.02~0.27 之间,群体间存在

遗传分化,其中,八步沙种群与阿拉古山、扎子沟种群间的群体遗传分化最大。

## 参考文献:

- [1] 张志翔. 树木学:北方本[M]. 2 版. 北京:中国林业出版社,2008.
- [2] 贾秀斌,周慧荣,魏德元,等. 荒漠化治理的先锋植物:柠条[J]. 内蒙古林业,2024(2):42-43.
- [3] 温学飞,王峰,黎玉琼,等. 柠条颗粒饲料开发利用技术研究[J]. 草业科学,2005,22(3):26-29.
- [4] 顾美影,陈淑华,冷志巍,等. 吉林西部栗钙土区造林树种配置模式研究[J]. 环境生态学,2024,6(6):115-120.
- [5] 赵鸿硕,曹红雨,高广磊,等. 微生物诱导碳酸钙沉淀固沙对典型沙生植物叶片性状和生理特性的影响[J]. 中国农业科技导报,2024,26(6):170-182.
- [6] 达安,韩海荣,李华一,等. 黄土丘陵沟壑区典型人工林植物-凋落物-土壤化学计量特征及互作关系[J]. 中国水土保持科学,2024,22(4):119-128.
- [7] 刘巍,张妍,彭儒胜,等. 35 份北方地区杨树种质资源的遗传多样性及种质指纹图谱的构建[J]. 东北林业大学学报,2024,52(10):19-26.
- [8] 侯向阳,白乌云. 基于表型性状的羊草遗传多样性评价[J]. 草地学报,2022,30(3):631-636.
- [9] 陈晓阳,沈熙环. 林木育种学[M]. 北京:高等教育出版社,2005:33.
- [10] 南小霞,白振清,曾新德,等. 石羊河下游天然柠条锦鸡儿群落的种间关联及生态位[J]. 云南农业大学学报(自然科学),2024,39(5):160-167.
- [11] SAMARAKOON T, WANG S Y, ALFORD M H. Enhancing PCR amplification of DNA from recalcitrant plant specimens using a trehalose-based additive[J]. Applications in Plant Sciences, 2013, 1(1): apps.1200236.
- [12] CHEN S L, PANG X H, SONG J Y, et al. A renaissance in herbal medicine identification: from morphology to DNA[J]. Biotechnology Advances, 2014, 32(7): 1237-1244.
- [13] CHEN S L, YAO H, HAN J P, et al. Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species[J]. PLoS One, 2010, 5(1): e8613.
- [14] KRESS W J. Plant DNA barcodes: applications today and in the future[J]. Journal of Systematics and Evolution, 2017, 55(4): 291-307.
- [15] HALL T. Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/nt[C]. Nucleic Acids Symposium Series, 2011.
- [16] CHEN C J, CHEN H, ZHANG Y, et al. TBtools: an integrative toolkit developed for interactive analyses of big biological data[J]. Molecular Plant, 2020, 13(8): 1194-1202.
- [17] TAMURA K, STECHER G, KUMAR S. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11[J]. Molecular Biology and Evolution, 2021, 38(7): 3022-3027.

[18] ZHANG D, GAO F L, JAKOVLIC I, et al. PhyloSuite: an integrated and scalable desktop platform for streamlined molecular sequence data management and evolutionary phylogenetics studies[J]. Molecular Ecology Resources, 2020, 20(1): 348-355.

[19] 侯鑫,刘俊娥,赵一之,等. 基于 ITS 序列和 trnL-F 序列探讨小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和柠条锦鸡儿的种间关系[J]. 植物分类学报,2006,44(2):126-134.

[20] 梁其东,曹基武,张博伦,等. 基于 ITS 与 psbA-trnH 序列的不同种源华重楼遗传多样性分析[J]. 分子植物育种, 2024,22(20):6783-6795.

[21] RATHER S A, SAINA J K, ADIT A, et al. DNA barcoding of recently diverging legume Genera: assessing the temperate Asian *Caragana* (Fabaceae: Papilionoideae)[J]. Journal of Systematics and Evolution, 2024, 62(3): 534-547.

[22] RATHER S A,WANG S, DWIVEDI M D, et al. Molecular phylogeny and systematic evaluation of the *Caragana opulens* species complex (Fabaceae, Papilionoideae) based on the molecular and morphological data[J]. Phytotaxa, 2021, 478(2): 179-200.

[23] 白云,陈磊,朱宁波,等. 云杉矮槲寄生遗传多样性及其群体遗传结构分析[J]. 西北植物学报,2016,36(3):458-466.

[24] 于欢,陈伊洁,刘康林,等. 单倍型分析软件 HaploAssistant 包的开发与应用[J/OL]. 分子植物育种,1-11[2025-01-20]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20231120.1141.010.html>.

[25] 高万林,王承勋,曾新德,等. 石羊河下游柠条锦鸡儿群落结构特征研究[J]. 温带林业研究,2023,6(2):63-66.

[26] 许明,邱作金,曾新德,等. 石羊河下游柠条锦鸡儿种群结构特征研究[J]. 甘肃科技,2024,40(5):109-112.

[27] 王赞,高新中,韩建国,等. 柠条锦鸡儿表型多样性研究[J]. 草地学报,2006,14(3):201-205.

[28] 刘林德,贾兴军,张同,等. 甘肃临泽柠条锦鸡儿的开花生物学研究[J]. 鲁东大学学报(自然科学版),2010,26(4): 347-352.

[29] BALLOUX F, LUGON-MOULIN N. The estimation of population differentiation with microsatellite markers[J]. Molecular Ecology, 2002, 11(2): 155-165.

[30] 马芳.毛乌素沙地油蒿种群遗传多样性与环境相关性研究[D]. 呼和浩特:内蒙古大学,2015.

Genetic Structure Analysis of *Caragana korshinskii* Population in Middle and Lower Reaches of Shiyang River Basin

HUA Xiaoqin<sup>1,2</sup>, MA Hongwen<sup>1,2</sup>, YU Tianquan<sup>1,2</sup>, YAN Haiwang<sup>3</sup>, LI Hao<sup>4</sup>

(1. Wuwei National Poplar and Camphor Pine Breeding Base, Wuwei 733000, China; 2. Wuwei Forestry Comprehensive Service Center, Wuwei 733000, China; 3. Gulang County Forestry Technology Service Center, Wuwei 733100, China; 4. College of Forestry, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China)

**Abstract:** In order to reveal the population genetic structure and diversity of five *Caragana korshinskii* populations in the middle and lower reaches of the Shiyang River Basin, ITS and psbA-trnH sequences were used to identify samples and analyzed population genetic structure and population genetic diversity from five populations of *C. korshinskii* in the middle and lower reaches of the Shiyang River Basin. The results showed that, (1) The dominant species in the five populations was *C. korshinskii*. (2) A total of 20 haplotypes existed in the *C. korshinskii* population, with the original haplotype Hap1 as the node to form a large branch, and Hap9, Hap10, and Hap12 as the nodes to form three sub-branches, among which the Alagu Mountain population haplotypes was the most abundant, and the difference in the direction of the haplotype mutation was the greatest between the Alagu Mountain population and the Zhazigou population. (3) The inter-population variation of *C. korshinskii* was 14.28% and intra-population variation accounted for 85.72%. The Fst of *C. korshinskii* population ranged from 0.02 to 0.27, and genetic differentiation existed among populations, with the greatest population genetic differentiation between the Babusha population and the Alagu Mountain and Zhazigou populations. In conclusion, it can be seen that, there are differences in the genetic structure of the populations of *C. korshinskii* from Alagu Mountain, Zhazigou, and Babusha, which can be used as germplasm materials for the next breeding of *C. korshinskii*.

**Keywords:** middle and lower reaches of the Shiyang River Basin; *Caragana korshinskii*; haplotype; ITS sequence; population genetic diversity