生物资源　2026,48(5):531～537
Biotic Resources

研究报告

DOI:10.14188/j.ajsh.20260026

基于SSR分子标记3个单瓣月季花野生居群的遗传多样性分析

崔娇鹏[1,2,3],陈　燕[1,2,3],陈　君[1,2,3],刘淳洋[1,2,3],赵世伟[4*]

(1. 北京市植物园管理处,北京 100093;
2. 北京市花卉园艺工程技术研究中心,北京 100093;
3. 植物迁地保护国家林业和草原局重点实验室,北京 100093;
4. 北京市园林绿化科学研究院,北京 100102)

摘要:单瓣月季花是中国特有的蔷薇属物种,2021年被列为国家重点保护野生植物,为Ⅱ级濒危物种。为了更好地保护和利用单瓣月季花的野生资源,利用SSR分子标记技术,对3个单瓣月季花自然居群的遗传多样性进行分析。从3个不同地域采集到68份样品,从50对引物中筛选出15对高多态性的简单重复序列标记(simple sequence repeats, SSR)引物对其进行PCR扩增,分析其遗传多样性,并利用分子方差分析和种群聚类分析,探究群体的遗传分化和遗传结构。研究发现:15对引物共计识别出118个等位基因,平均每个多态性位点观测的有效等位基因数为7.87个。多态性信息含量(polymorphism information content,PIC)范围为0.068～0.86,平均为0.62。单瓣月季花具有丰富的遗传多样性,其中3个居群间的遗传多样性指数(*I*)由高到低依次为平武居群(P)＞南川居群(NC)＞巫山居群(WS)。平均观测杂合度(average observed heterozygosity,*Ho*)为0.38;平均期望杂合度(average expected heterozygosity,*He*)为0.65;Nei's基因多样性指数为0.65;基因流Nm为0.95,遗传分化属于中等。分子方差分析结果表明,有71%的遗传变异来自单瓣月季花的群体内。依据遗传距离和相似系数构建聚类图,3个自然居群分为3个分支,与各自的样本来源地完全一致。结果表明,单瓣月季花野生居群的遗传多样性水平较高,遗传分化水平居中,需要重点保护遗传多样性最丰富的平武居群,其次是南川居群和巫山居群,前者重点进行原地保护并尽可能多地采集多个样本开展迁地保护,而后者则相对可以少量采集进行迁地保护。

关键词:分子标记;简单重复序列;单瓣月季花;遗传多样性
中图分类号:Q16　　文献标志码:A　　文章编号:2096-3491(2026)05-0531-07

Genetic diversity analysis of three wild populations of *Rosa chinensis* var. *spontanea* based on SSR molecular markers

CUI Jiaopeng[1,2,3], CHEN Yan[1,2,3], CHEN Jun[1,2,3], LIU Boyang[1,2,3], ZHAO Shiwei[4*]

(1. Beijing Botanical Garden, Beijing 100093, China;
2. Beijing Floriculture Engineering Technology Research Centre, Beijing 100093, China;
3. Key Laboratory of National Forestry and Grassland Administration on Plant Ex situ Conservation, Beijing 100093, China;
4. Beijing Academy of Forestry and Landscape Architecture, Beijing 100102, China)

Abstract: *Rosa chinensis* var. *spontanea* is an endemic and endangered species in China, listed as a national key protected wild plant in 2021. SSR molecular markers were used to analyze the genetic diversity of its three wild populations to provide a scientific base for conservation and utilization. There were 68 samples collected from three different geo-

收稿日期:2026-05-26　修回日期:2026-07-15　接受日期:2026-10-19
作者简介:崔娇鹏(1980-),女,硕士,正高级工程师,研究方向:园林植物,E-mail:cuijiaopeng80@163.com
*通信作者:赵世伟(1967-),男,博士,教授级高级工程师,研究方向:园林植物,E-mail:2668587780@qq.com
基金项目:北京市公园管理中心科技课题(ZX2023012;ZX2026013)

引用格式:崔娇鹏,陈燕,陈君,等. 基于SSR分子标记3个单瓣月季花野生居群的遗传多样性分析[J]. 生物资源, 2026, 48(5): 531-537.
Cui J P, Chen Y, Chen J, et al. Genetic diversity analysis of three wild populations of *Rosa chinensis* var. *spontanea* based on SSR molecular markers [J]. Biotic Resources, 2026, 48(5): 531-537.

graphical regions. Fifteen pairs of SSR primers with high polymorphism were selected from 50 primer pairs for PCR amplification to analyze genetic diversity. Molecular variance analysis and population cluster analysis were used to investigate the genetic differentiation and structure of the populations. The results showed that there were 118 alleles identified across the 15 primer pairs, with an average of 7.87 effective alleles observed per locus. The polymorphism information content (PIC) ranged from 0.068 to 0.86, with an average of 0.62. *R. chinensis* var. *spontanea* showed high genetic diversity, with the genetic diversity index (I) among the three populations ranked as follows: Pingwu population (P)> Nanchuan population (NC)> Wushan population (WS). The mean observed heterozygosity (Ho) was 0.38; the mean expected heterozygosity (He) was 0.65; Nei's gene diversity was 0.65; and the gene flow (Nm) was 0.95, indicating a moderate level of genetic differentiation. Molecular variance analysis revealed that 71% of the genetic variation originated from within the populations. The cluster diagram constructed based on genetic distance and similarity coefficients grouped the three natural populations into three distinct branches, which were completely consistent with their respective sample origins. In conclusion, the three wild populations of *R. chinensis* var. *spontanea* possess a high level of genetic diversity and a moderate level of genetic differentiation. More efforts should focus on the Pingwu population, which exhibits the highest genetic diversity, followed by the Nanchuan and Wushan populations. For the former, in addition to strengthening *in situ* conservation, as many samples as possible should be collected for *ex situ* conservation. For the latter, relatively fewer samples could be collected for *ex situ* conservation.

Key words: molecular marker; simple sequence repeats (SSR); *Rosa chinensis* var. *spontanea*; genetic diversity

0 引 言

单瓣月季花(*Rosa chinensis* var. *spontanea*)作为蔷薇科(Rosaceae Juss.)蔷薇属(*Rosa* L.)的原种,主要分布在中国西南地区。2021年,它被列入最新版的国家重点保护野生植物名录。单瓣月季花一直被研究者视为蔷薇属重要的栽培品种月季的原始亲本之一。前人通过对单瓣月季花野外居群遗传多样性的表型性状变异分析,结合叶绿体基因着重解析了单瓣月季花和亮叶月季的系统分类地位及地理分布格局[1]。在众多的遗传多样性分析方法中,简单重复序列标记(simple sequence repeats,SSR)为共显性标记,SSR位点存在于细胞核、叶绿体以及线粒体基因组中,是真核生物基因组中普遍存在的一种重复序列。串联重复序列数目的不同使其具有丰富的多态性,重复性好。SSR分子标记技术成为居群遗传、种质资源鉴定、亲缘关系分析和图谱构建等优越的分子标记[2]。因此,在很多蔷薇属物种中SSR分子标记技术被广泛应用于遗传多样性的研究[3-13]。本文利用SSR分子标记技术对单瓣月季花3个不同野外居群的遗传多样性开展研究,目的是评估不同野外居群单瓣月季花的遗传多样性情况,从而为单瓣月季花居群开展迁地保护提供依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

野外调研采集到重庆巫山(WS)、南川(NC)和四川平武(P)3个不同地理居群共计68份样品,具体采集信息见表1。

1.2 DNA提取和引物PCR扩增体系

采用改良CTAB法提取样品DNA[14]。筛选引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。构建PCR反应体系,总体系共20 μL。其中:dNTP 0.4 μL(0.2 μmol/L),Buffer 2 μL(2.0 mmol/L),0.3 μL(20 μmol/L)primer F,0.3 μL(20 μmol/L)primer R,2 μL DNA(50 ng/μL)模板,0.2 μL TaqDNA聚合酶(1U)和14.8 μL ddH_2O。

PCR反应程序:94 ℃预变性5 min;94 ℃变性30 s,54 ℃(退火温度在54 ℃上下波动)复性35 s,72 ℃延伸40 s,共35个循环;最终72 ℃延伸3 min。

1.3 引物筛选

利用样本WS1、P1、P16、NC1对供试的50对引

表1 3个野外居群的68份样本采集信息表

Table 1 68 sample information from 3 wild populations

居群	样本数/个	纬度(N)	经度(E)	海拔/m
四川省绵阳市平武县江油镇(P)	26	32°13′	104°47′	700~1 000
重庆市巫山县(WS)	19	31°04′	109°55′	400~700
重庆市南川区(NC)	23	29°10′	107°13′	700

物进行PCR扩增，并用1.5%的琼脂糖凝胶电泳检测。筛选出扩增清楚的引物再进行6%变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测引物的多态性，最终选出15对引物。采用筛选出的15对引物对待测的68份样本进行后续的毛细管电泳检测。将甲酰胺与分子量内标ROX500按100:1的体积比混匀后，取15 μL加入上样板中，再加入1 μL稀释10倍的PCR产物，然后使用3730XL测序仪进行毛细管电泳。具体的引物筛选信息详见表2。

1.4 数据统计

利用Genemarker V2.2.0软件中的Fragment片段分析对测序仪得到的原始数据进行分析，将各泳道内分子量内标的位置与各样品峰值的位置做比较，得到片段大小。根据原始点位数据，利用Popgen32软件分别计算68个样本材料的遗传距离矩阵。根据GS值矩阵，利用UPGMA法对供试材料数据的结果进行聚类分析，得到环状聚类图。

遗传多样性统计参数包括：Shannon香农指数（*I*）、Nei's基因多样性指数（*H*）、观察等位基因（*Na*）、有效等位基因（*Ne*）、平均观测杂合度（average observed heterozygosity，*H*o）、平均期望杂合度（average expected heterozygosity，*H*e）、基因流强度（*Nm*）、多态性信息指数（polymorphism information content，PIC）等。

2 结果与分析

2.1 SSR分子标记多态性分析

对选取的15对高质量SSR引物利用荧光毛细管电泳方法对68份单瓣月季花样本进行分析。由表3可知，15对引物在68份样本中观测到118个等位基因位点，每个位点观测到等位基因数为2～14个，平均观测等位基因数（*Na*）为7.87个；平均每个位点的有效等位基因数（*Ne*）为3.8321；期望杂合度（*He*）变化范围0.071～0.880，平均为0.655；平均香农指数（*I*）为1.4213；基因流强度（*Nm*）平均值为0.954 6；PIC变化范围为0.068～0.86，平均为0.620。15对引物的PIC除P34引物外，均高于0.25，具有中高的多态性，说明筛选出的15对引物具有较好的遗传多态性[15-16]。

2.2 居群遗传多样性分析

利用Popgen32软件对单瓣月季花3个居群的遗传多样性进行统计分析，结果见表4。3个居群间的遗传多样性指数（*I*）由高到低依次为平武（P）居群＞南川（NC）居群＞巫山（WS）居群。观测杂合度（*Ho*）为0.368 4～0.412 1，平均为0.383 1；期望杂合度（*He*）为0.464 8～0.580 9，均值为0.522 2，其值接近0.5，表明单瓣月季花在物种水平上的遗传多样性处于中等水平[17]。当Shannon指数越大时其遗传多样性就越高，杂合度也是基因多样性的体现[18-19]，综合各个遗传多样性指标，单瓣月季花在平武的群体其遗传多样性最高，应作为重点引种保护的居群。

2.3 群体遗传分化分析

由AMOVA的结果可知，不同的单瓣月季花群体中群体间的变异率为29%，群体内的变异率为

表2 筛选有效荧光引物15对

Table 2 15 pairs of effective fluorescent primers

编号	引物名称	F向	R向
P3	412-P3_F_387	GCACTCTTGACGTTGTCCAT	GTCAATGTAGTCCGGTTCGG
P4	412-P4_F_397	GGCCTAGCAAAGCAACAAAC	AGTGGAGGGCAGTCTCTGAA
P5	412-P5_F_405	CAGCGAAAAGAACAAGGACC	CAGAAGCTAATAAATTAACAATCACCA
P12	412-P12_F_625	GGCGTCTCTCACATCTCAAA	AAGATCTTCTCTCCGGCCTT
P14	412-P14_F_648	CCTAAAGCTTAAGCCCCCAA	GCAATAGACTTGGCAGCCTC
P16	412-P16_F_682	TTCTTGAGCTAAAAGTGCATCG	CAGATCCAAACCGAACCCTA
P17	412-P17_F_695	AGAAAAGCGAAAGCACAAGC	CTTAAATGCGCCACCAATTT
P20	412-P20_F_Rw5G14	TGGTTTGGGGTTTTGTGTCT	GCACAGTCTCCACCTGACAA
P21	412-P21_F_Rw10M24	TTAATCCAAGGTCAAAGCTG	TCTCTTTCCCTCCTCACTCT
P29	412-P29_F_BFURSSR3868	GGAGAGAACGTTGGCTATTGAA	CTAAAACCTCTTTACCGGAGCA
P32	412-P32_F_BFURSSR15872	AAGTTCTCAACTCGATCCCG	TTGCTTGCAGTTTTGTTTGG
P34	412-P34_F_BFURSSR15966	CTTGACAGTCACGCCAGAGA	TTGCAAGAGGATTAAACGGC
P39	412-P39_F_BFURSSR10687	TAACTTCCACGAAATCCCTCAT	CTGAGGACGTATCTGTGGTGAC
P47	412-P47_F_BFURSSR19041	CTGAAGCAAAGCACAGACAAAC	CTCTAGGCCTGAAGAAAACCCT
P48	412-P48_F_BFURSSR17125	GAAAGCCCATGCATTCCTAA	AAAGGGCAATTGATTTGACG

表3 SSR位点多态性检测

Table 3 Polymorphism detection results of SSR loci

多态位点	观测等位基因数	有效等位基因数	香农指数	观测杂合度	期望杂合度	Nei氏预期杂合度	基因流	多态信息含量
P3	5	3.920 3	1.417 7	0.323 5	0.750 4	0.744 9	1.520 6	0.699
P4	12	6.979 6	2.107 7	0.676 5	0.863 1	0.856 7	1.072 7	0.841
P5	6	3.902 1	1.492 3	0.617 6	0.749 2	0.743 7	3.906 1	0.704
P12	13	7.875 4	2.187 5	0.686 6	0.879 6	0.873 0	1.291 6	0.860
P14	10	3.161 7	1.487 8	0.500 0	0.688 8	0.683 7	0.802 4	0.632
P16	6	4.215 1	1.540 0	0.500 0	0.768 4	0.762 8	0.674 7	0.725
P17	10	5.103 8	1.848 0	0.455 9	0.810 0	0.804 1	0.539 8	0.778
P20	7	2.566 7	1.327 7	0.323 5	0.614 9	0.610 4	1.109 1	0.585
P21	5	2.041 2	1.009 3	0.090 9	0.514 0	0.510 1	0.851 6	0.477
P29	14	4.720 8	1.911 0	0.308 8	0.794 0	0.788 2	0.692 8	0.762
P32	6	1.449 8	0.682 2	0.088 2	0.312 5	0.310 2	1.612 1	0.294
P34	2	1.076 2	0.157 5	0.044 1	0.071 4	0.070 8	3.075 0	0.068
P39	8	2.949 9	1.338 3	0.500 0	0.665 9	0.661	2.086 7	0.609
P47	9	5.462 5	1.835 9	0.397 1	0.823 0	0.816 9	0.617 9	0.792
P48	5	2.055 6	0.976 2	0.235 3	0.517 3	0.513 5	0.568 2	0.470
平均值	7.866 7	3.832 1	1.421 3	0.383 2	0.654 8	0.650 0	0.954 6	0.619 7
标准差	3.398 9	1.962 9	0.547 9	0.207 3	0.222 9	0.221 3		

表4 3个单瓣月季花居群群体遗传多样性分析

Table 4 Analysis of genetic diversity of 3 wild populations of *Rosa chinensis* var. *spontanea*

居群编号	居群		样本量	观测等位基因数	有效等位基因数	香农指数	观测杂合度	期望杂合度	Nei氏预期杂合度	平均杂合度
1	巫山(W)	平均值	38	3.533 3	2.144 4	0.822 8	0.368 4	0.464 8	0.452 5	0.510 6
		标准差		1.846 5	0.816 1	0.485 9	0.259 4	0.256 8	0.250 1	0.181 1
2	平武(P)	平均值	52	4.666 7	2.719 2	1.090 5	0.368 7	0.580 9	0.569 7	0.510 6
		标准差		1.543 0	1.000 6	0.403 0	0.221 2	0.206 7	0.202 7	0.181 1
3	南川(NC)	平均值	46	4.933 3	2.520 2	1.015 3	0.412 1	0.520 8	0.509 4	0.510 6
		标准差		2.016 6	1.204 5	0.485 5	0.260 1	0.231 7	0.226 7	0.181 1

71%,表明变异以群体内的个体为主,个体变异是总变异的主要来源,也反映出群体内的个体间基因交流要明显高于群体之间(表5)。

表5 3个不同居群单瓣月季花群体间AMOVA分析

Table 5 AMOVA analysis among three different populations of *Rosa chinensis* var. *spontanea*

变异来源	变异成分	变异比例/%
群体间	1.810	29
群体内	4.445	71
总计	6.255	100

2.4 遗传距离与聚类分析

通过Popgene计算各样本间的遗传相似系数和遗传距离,使用MEGA 11进行UPGMA Tree的绘制,并在https://itol.embl.de/网站上进行二次修饰。测定的68份样本的聚类情况见图1。UPGMA聚类分析表明,样本群体聚类为3组,其中采自平武、巫山、南川不同居群的个体分别聚为一组,聚类结果同采集地点的地域分布相一致。

由表6可知,不同群体间遗传相似性分别为:平武与南川为0.514 7,平武与巫山为0.582,南川与巫山为0.671 1,说明平武居群与南川、巫山居群间的遗传相似性小于南川与巫山居群。其中,南川与平武居群的遗传距离最大,巫山次之;而南川与巫山之间的遗传距离更近。结果表明,不同居群的遗传相似系数、遗传距离与居群的地理分布格局相一致。

2.5 群体遗传结构分析

通过对68份单瓣月季花样本进行群体遗传结

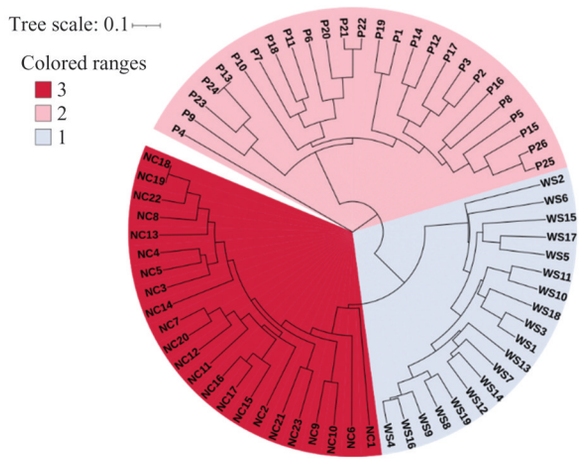


图1　基于UPGMA的单瓣月季花3个群体聚类图

Figure 1　Clustering map of three populations of *Rosa chinensis* var. *spontanea* based on UPGMA

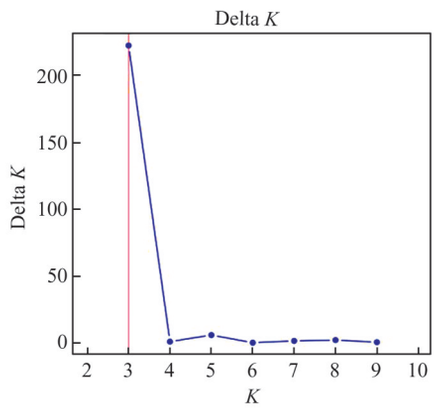


图2　单瓣月季花群体结构分析Δ*K*值分布(*k*=3)

Figure 2　Δ*K* value distribution in population structure analysis of *Rosa chinensis* var. *spontanea*

表6　群体间遗传相似系数(上三角)和遗传距离(下三角)

Table 6　Nei's genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) between different populations

群体编号	巫山居群(WS)	平武居群(P)	南川居群(NC)
巫山居群(WS)	****	0.582	0.671 1
平武居群(P)	0.541 3	****	0.514 7
南川居群(NC)	0.398 8	0.664 2	****

构的分析发现,当K=3时,ΔK出现峰值(图2),可将单瓣月季花68份样本划分为3个亚群(图3),结果与主坐标(PCoA)(图4)分析结果一致,说明单瓣月季花不同居群之间表现出明显的地理分布隔离,即居群分布地和群体遗传分化的结果相一致。

3　讨　论

3.1　单瓣月季花野生居群遗传多样性的分析

本研究的3个单瓣月季花野生居群在物种水平Nei's遗传多样性平均指数(H)为0.65,平均Shannon香农指数(I)为1.421 3,均高于另一重要月季野生亲本保护植物大花香水月季的Nei's指数(H)0.301 2和Shannon香农指数(I)0.460 0[4],也高于针对峨眉蔷薇居群的遗传多样性群体Nei's多样性指数(H)0.196 0和Shannon香农指数(I)0.316 6[8]。研究表明单瓣月季花这3个自然居群的遗传多样性水平相较于大花香水月季和峨眉蔷薇的野生居群具有更高的遗传多样性。3个居群中,以平武地区的单瓣月季花遗传多样性最高,南川居中,巫山最低。

本次调查的3个单瓣月季花野生居群,居群间的遗传变异为29%,居群内的变异为71%,说明变异来源主要来自居群内。在已报道的蔷薇属物种中,与云南省分布的8个大花香水月季天然居群及峨眉蔷薇的野生居群的遗传变异规律近似,其中,前者居群间的遗传变异为30.51%,居群内的遗传变异为69.49%[4],后者居群间的遗传变异为44.73%,居群内遗的传变异为55.27%[8];与之不同的是,绢毛蔷薇居群间的变异为55.53%,居群内为44.47%,其变异的主要来源为居群间[9]。这种现象产生的原因可能是受到地理阻隔的影响,使以虫媒授粉为主要繁殖途径的蔷薇属物种居群间的基因交流受阻,导致居群间的变异占比常低于居群内的变异,形成较明显的居群内的遗传分化。

此外,不同物种居群间变异和基因流表现亦因物种而异。大花香水月季居群间的遗传分化系数和基因流分别为0.305 1和1.139 1[12]。峨眉蔷薇群体

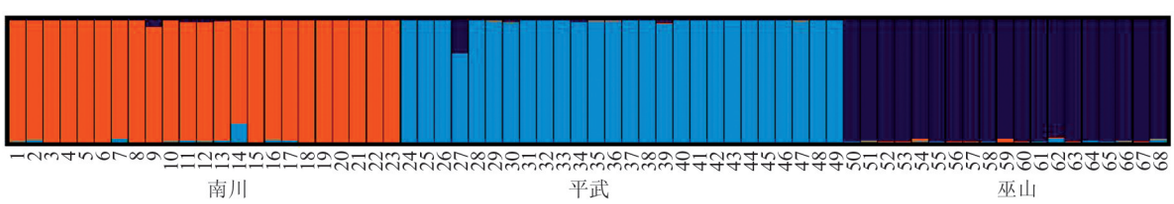


图3　单瓣月季花不同群体结构图(*K*=3)

Figure 3　Structure diagram of different populations of *Rosa chinensis* var. *spontanea* (*K*=3)

编号1～23:南川;24～49:平武;50～68:巫山

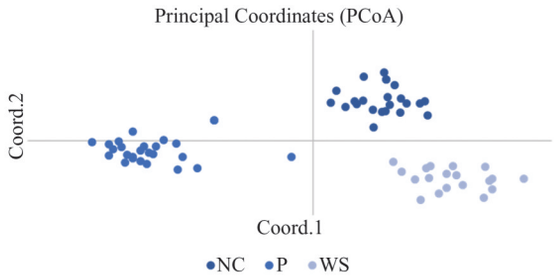


图4 不同居群单瓣月季花主坐标分析图

Figure 4 PCoA diagram of different populations of *Rosa chinensis* var. *spontanea*

间遗传分化系数和基因流分别为0.447 3和0.617 9[8]。绢毛蔷薇居群间的遗传分化系数和基因流分别为0.555 3和0.400 5[9]。本研究中单瓣月季花3个自然居群间的遗传分化系数和基因流分别为0.29和0.954 6,其遗传分化属于中等,基因流接近1,与之前报道单瓣月季花居群遗传分化系数为0.841的结果存在明显不一致[1]。其可能的原因是本研究所取居群样本数量、居群地理位置及遗传多样性分析的分子标记方法与其不同所致。总之,本研究中的3个单瓣月季花野生居群间因有限的基因流、地理阻隔和生境差异等多种因素使其表现为居群间的变异中等,以居群内的变异为主。在野外调查采集中,这3个野外居群的生境和表型性状也表现出明显的差异和多样性。

通过遗传距离、遗传相似系数和遗传结构的相关分析发现:本研究中的单瓣月季花居群明显依地理区域分布聚类为3个亚组,其中平武居群与南川、巫山居群的遗传相似性最远,南川与巫山的相似性更近。与大花香水月季自然居群与地理分布不相关的情况不同,单瓣月季花的3个自然居群则表现出明确的地理分布相关性。

3.2 单瓣月季花的保育策略

作为国家重点保护野生植物,单瓣月季花野外分布情况的研究有限,对该种本底资源实际分布情况的了解和掌握仍不清晰[1,20]。据已调查的报道,单瓣月季花的分布区域虽广,但多地仅发现1~2个植株[1]。本研究中的3个地理居群,同样可采集的样本数量也非常有限,生境片段化,大面积成片的野外居群未见,零星分布的个体居多,尤其因单瓣月季花喜向阳开阔的山坡地带,往往受到人为因素的剧烈干扰。

因此,在保护策略上,应重视对现有居群的原生境保护,维持居群间有限的基因交流通道,减少人为干扰对生境的破坏,同时对遗传多样性较高的居群进行重点保护,以维持该物种整体的遗传稳定性与进化潜力。本研究中3个自然居群的单瓣月季花,平武县的遗传多样性最高,应采取就地保护,尽可能保护更多的个体,维护其遗传多样性,而巫山和南川相对多样性较低,可在就地保护的基础上,选取部分个体进行迁地保护。

参考文献

[1] 赵玲. 单瓣月季花与亮叶月季的系统关系及遗传多样性研究[D]. 昆明:西南林业大学, 2019.
Zhao L. Phylogenetic relationship and genetic diversity study between *Rosa chinensis* var. *spontanea* and *Rosa lucidissim*[D]. Kunming: Southwest Forestry University, 2019.

[2] 张怀山. 基于SSR标记及ITS、cpDNA序列的刺梨遗传多样性分析[D]. 贵阳:贵州大学, 2017.
Zhang H S. Analysis of genetic diversity based on SSR markers and ITS and cpDNA sequences of *Rosa roxburghii* Tratt [D]. Guiyang: Guizhou University, 2017.

[3] 张怀山, 鄢秀芹, 鲁敏, 等. 基于EST-SSR标记的贵州野生刺梨居群遗传多样性分析[J]. 中国农业科学, 2017, 50(6): 1098-1108.
Zhang H S, Yan X Q, Lu M, et al. Analysis of the genetic diversity of wild *Rosa roxburghii* populations in Guizhou Province based on EST-SSR marker [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2017, 50(6): 1098-1108.

[4] 邱显钦, 唐开学, 蹇洪英, 等. 云南大花香水月季居群遗传多样性的SSR分析[J]. 华中农业大学学报, 2011(3): 300-304.
Qiu X Q, Tang K X, Jian H Y, et al. SSR markers based genetic diversity of populations of *Rosa odorata* Sweet var. *gigantea* in Yunnan Province[J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2011(3): 300-304.

[5] 邱显钦, 唐开学, 王其刚, 等. 云南长尖叶蔷薇自然居群遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(1): 85-90.
Qiu X Q, Tang K X, Wang Q G, et al. Genetic diversity analysis of populations of *Rosa longicuspis* in Yunnan [J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2013, 14(1): 85-90.

[6] 唐开学, 邱显钦, 张颢, 等. 云南蔷薇属部分种质资源的SSR遗传多样性研究[J]. 园艺学报, 2008, 35(8): 1227-1232.
Tang K X, Qiu X Q, Zhang H, et al. Study on genetic diversity of some *Rosa* germplasm in Yunnan based on SSR markers[J]. Acta Horticulturae Sinica, 2008, 35(8): 1227-1232.

[7] 许凤, 李凌, 邱显钦, 等. 云南39个野生蔷薇种间遗传多样性的SSR分析[J]. 西南大学学报(自然科学

版)，2009，31(6)：83-87.
Xu F，Li L，Qiu X Q，et al. Analysis of genetic diversity of some *Rosa* wild species in Yunnan based on SSR markers[J]. Journal of Southwest University (Natural Science Edition)，2009，31(6)：83-87.

[8] 周宁宁，张颢，王其刚，等. 峨眉蔷薇居群遗传多样性的SSR分析[J]. 江苏农业科学，2012，40(1)：33-36.
Zhou N N，Zhang H，Wang Q G，et al. SSR analysis of genetic diversity of *Rosa emei* population[J]. Jiangsu Agricultural Sciences，2012，40(1)：33-36.

[9] 周宁宁，张颢，杨春梅，等. 绢毛蔷薇居群遗传多样性的SSR分析[J]. 西南农业学报，2011，24(5)：1899-1903.
Zhou N N，Zhang H，Yang C M，et al. Genetic diversity analyses of *Rosa sericea* Lindl. population based on SSR markers[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences，2011，24(5)：1899-1903.

[10] 孙佩，张宏，杨媛，等. 基于SSR标记的蔷薇属种质资源遗传多样性分析及指纹图谱构建[J]. 园艺学报，2025，52(6)：1539-1552.
Sun P，Zhang H，Yang Y，et al. Genetic diversity analysis and fingerprint construction of *Rosa* germplasm resources based on SSR marker[J]. Acta Horticulturae Sinica，2025，52(6)：1539-1552.

[11] 邵珠华，李名扬，邱显钦，等. 大花香水月季天然群体表型多样性研究[J]. 江苏农业科学，2010，38(2)：184-187.
Shao Z H，Li M Y，Qiu X Q，et al. Study on phenotypic diversity of *R. odorata* Sweet var. *gigantea* under natural population[J]. Jiangsu Agricultural Sciences，2010，38(2)：184-187.

[12] 邵珠华. 大花香水月季与长尖叶蔷薇的遗传多样性研究[D]. 重庆：西南大学，2010.
Shao Z H. Study on genetic diversity of *R. odorata* Sweet var. *gigantea* and *R. longicuspis* Bertol[D]. Chongqing：Southwest University，2010.

[13] 周宁宁，唐开学，邱显钦，等. 云南峨眉蔷薇天然群体的表型多样性[J]. 西南农业学报，2009，22(6)：1732-1736.
Zhou N N，Tang K X，Qiu X Q，et al. Phenotypic diversity of natural populations in *Rosa omeiensis* Rolfe in Yunnan Province[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences，2009，22(6)：1732-1736.

[14] 李金璐，王硕，于婧，等. 一种改良的植物DNA提取方法[J]. 植物学报，2013，48(1)：72-78.
Li J L，Wang S，Yu J，et al. A modified CTAB protocol for plant DNA extraction[J]. Chinese Bulletin of Botany，2013，48(1)：72-78.

[15] 杨一山，唐健民，邹蓉，等. 基于SSR分子标记的银杉遗传多样性和遗传结构分析[J/OL]. 分子植物育种，1-16[2025-02-07]. https://link.cnki.net/urlid/46.1068.s.20250207.1507.008.
Yang Y S，Tang J M，Zou R，et al. Analysis of genetic diversity and genetic structure of the extremely small population plant *Cathaya argyrophylla* based on SSR.[J/OL]. Molecular Plant Breeding：1-16[2025-02-07]. https://link.cnki.net/urlid/46.1068.s.20250207.1507.008.

[16] 李慧，侯立娜，王天琪，等. 基于SSR标记的皱皮木瓜遗传多样性分析及品种分子身份证构建[J]. 南京林业大学学报(自然科学版)，2025，49(1)：59-68.
Li H，Hou L N，Wang T Q，et al. The genetic diversity analysis and molecular ID establishment of *Chaenomeles speciosa* based on SSR markers[J]. Journal of Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition)，2025，49(1)：59-68.

[17] 任重，白倩，苏淑钗. 基于SSR分子标记的中国黄连木遗传多样性分析[J]. 西北植物学报，2022，42(9)：1530-1539.
Ren C，Bai Q，Su S C. Genetic diversity analysis of *Pistacia chinensis* Bunge based on SSR markers[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica，2022，42(9)：1530-1539.

[18] 蔡颖，段继煜，朱思奇，等. 基于SSR标记的无翼坡垒遗传多样性研究[J]. 热带生物学报，2022(2)：127-135.
Cai Y，Duan J Y，Zhu S Q，et al. Genetic diversity of *Hopea reticulata* Tardieu based on SSR markers[J]. Journal of Tropical Biology，2022(2)：127-135.

[19] 姚宁，高建中，张静，等. 基于SSR标记的荒漠锦鸡儿遗传多样性与环境适应性研究[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版)，2026，54(7)：170-180.
Yao N，Gao J Z，Zhang J，et al. Genetic diversity and environmental adaptation of *Caragana roborovskyi* Kom. revealed by SSR markers[J]. Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition)，2026，54(7)：170-180.

[20] 崔娇鹏，陈燕，刘恒星，等. 中国蔷薇属濒危物种保育研究进展[J]. 生物资源，2025，47(1)：21-29.
Cui J P，Chen Y，Liu H X，et al. Review on conservation of endangered *Rosa* species in China[J]. Amino Acids and Biotic Resources，2025，47(1)：21-29.