



•研究报告•

中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建

陈向向^{ID 1,2,3#}, 盖中帅^{ID 1,2,3#}, 翟军团^{ID 1,2,3}, 徐劲东⁴, 焦培培^{1,2,3}, 吴智华^{ID 4*}, 李志军^{ID 1,2,3*}

1. 塔里木盆地生物资源保护利用兵团重点实验室, 新疆阿拉尔市 843300; 2. 塔里木大学胡杨研究中心, 新疆阿拉尔市 843300; 3. 塔里木大学生命科学院, 新疆阿拉尔市 843300; 4. 中南民族大学生命科学院武陵山区特色资源植物种质保护与利用湖北重点实验室, 武汉 430074

摘要: 胡杨(*Populus euphratica*)是极端干旱荒漠区的珍稀乔木树种。为了确定天然胡杨群体遗传多样性保护单元并挖掘优异的种质资源, 本研究以中国西北地区新疆、青海、甘肃、宁夏、内蒙古的58个天然胡杨群体为研究对象, 利用120个位点的SNPs标记对这些胡杨群体进行群体遗传结构和遗传多样性分析, 并根据不同群体间Nei's遗传相似度, 采用逐步聚类优先取样法对初始群体、遗传多样性保护单元和剩余群体进行*t*检验。群体结构和主成分分析表明, 胡杨群体可分为新疆南疆(SX)、新疆北疆(NX)、青海(QH)和混合群(甘肃、宁夏和内蒙古混合群, GNM) 4个分支, 遗传多样性分析表明新疆南疆(SX)遗传多样性高于其他群体。分子方差分析(AMOVA)表明天然胡杨群体的遗传变异主要分布在各个群体内。构建了天然胡杨群体一级核心保护单元3个群体(CU3), 二级核心保护单元33个群体(CU33)。南疆存在较多优异抗逆的天然胡杨古树资源, 南疆分布区的平均遗传多样性水平最高。综上所述, 南疆地区胡杨古树遗传多样性整体高于北疆及疆外地区, 结合新疆地区干旱严重指数等生境信息, 建议加大对南疆胡杨古树群体的保护力度, 重视北疆胡杨林的更新换代。

关键词: 自然居群; SNPs; 分子标记; 核心种质

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649. doi: 10.17520/biods.2021249.

Chen XX, Gai ZS, Zhai JT, Xu JD, Jiao PP, Wu ZH, Li ZJ (2021) Genetic diversity and construction of core conservation units of the natural populations of *Populus euphratica* in Northwest China. Biodiversity Science, 29, 1638–1649. doi: 10.17520/biods.2021249.

Genetic diversity and construction of core conservation units of the natural populations of *Populus euphratica* in Northwest China

Xiangxiang Chen^{ID 1,2,3#}, Zhongshuai Gai^{ID 1,2,3#}, Juntuan Zhai^{ID 1,2,3}, Jindong Xu⁴, Peipei Jiao^{1,2,3}, Zhihua Wu^{ID 4*}, Zhijun Li^{ID 1,2,3*}

1 Key Laboratory of Corps of Protection and Utilization of Biological Resources in Tarim Basin, Alar, Xinjiang 843300

2 Desert Poplar Research Center of Tarim University, Alar, Xinjiang 843300

3 College of Life Sciences, Tarim University, Alar, Xinjiang 843300

4 Hubei Provincial Key Laboratory for Protection and Application of Special Plant Germplasm in Wuling Area of China, College of Life Sciences, South-Central University for Nationalities, Wuhan 430074

ABSTRACT

Aims: *Populus euphratica* is a rare tree species in the extremely arid desert area of northwest China. The research on the germplasm genetic resources within the natural populations and the construction of a germplasm bank are helpful to protect the gene resources of *P. euphratica*.

Methods: In this study, according to the Nei's genetic similarity among populations by using SNPs from 120 DNA fragments, the gradual clustering priority sampling method was used and *t*-test was performed to compare the genetic

收稿日期: 2021-06-23; 接受日期: 2021-09-30

基金项目: 塔里木盆地兵团重点实验室项目(BRZD2003)、兵团重点领域创新团队建设计划(2018CB003)和兵团区域创新引导计划(2021BB010)

共同第一作者 Co-first authors

* 共同通讯作者 Co-authors for correspondence. E-mail: zhww@scuec.edu.cn; lizhijun0202@126.com

diversity within populations, the conservation units and the rest populations. A total of 58 natural *P. euphratica* populations from northwest China, including Xinjiang, Qinghai, Gansu, Ningxia, and Inner Mongolia, were used to obtain the different natural conservation units.

Results: The *P. euphratica* populations were divided into four distinct clades that demonstrated strong geographical distribution patterns (NX, SX, QH and GNM, with the GNM clade containing individuals from Gansu, Ningxia and Inner Mongolia individuals). PCA analysis confirmed the differentiation of populations, similar to population structure. Southern Xinjiang holds the major distribution of *P. euphratica* in China, and the higher genetic diversity than other distribution areas, and the analysis of molecular variance (AMOVA) showed that most of the variation within *P. euphratica* was distributed within population compared to the variation among populations. The primary core conservation units (CU3) contained three populations, and the secondary core conservation units (CU33) contained 33 populations. There may be natural ancient *P. euphratica* resources with putative resistance to stress in southern Xinjiang, and the average genetic diversity in southern Xinjiang was higher than that in northern Xinjiang.

Conclusion: The overall genetic diversity of *P. euphratica* and the number of ancient trees in southern Xinjiang were higher than those in northern Xinjiang. The priority protection of the first and second core conservation units was constructed. Combining comprehensively with habitat information, such as the severity of drought index in Xinjiang, it was recommended to increase the conservation of ancient *P. euphratica* trees in southern Xinjiang, and to pay more attentions to the regeneration of *P. euphratica* forests in northern Xinjiang.

Key words: natural population; SNPs; molecular marker; core germplasm

天然胡杨(*Populus euphratica*)是中国西北干旱荒漠区重要的珍稀乔木树种, 被列为世界珍稀濒危保护林木资源(王世绩等, 1995)。全世界61%的胡杨分布在中国, 而中国91%的胡杨林分布在新疆(王世绩等, 1995), 胡杨林对新疆沙漠地区的生态环境起到防风固沙的作用, 而且其耐盐碱、抗干旱等优异抗逆的特性(顾亚亚等, 2013)对未来培育其他适应于盐碱地环境的植物提供了理论上的可行性。近年来, 由于生境破坏和人类活动的增加, 胡杨林面积严重减少或退化, 加强对现有极端荒漠地区胡杨群体和优异种质资源的保护显得格外重要。一般而言, 原地保存和异地保存是植物群体保护的两种主要方式(Dzialuk et al, 2014; Nagamitsu et al, 2014)。原地保存通常针对群体间无明显的遗传分化, 且遗传多样性高的群体(Dzialuk et al, 2014; Tijerino & Korpelainen, 2014), 异地保存通常针对群体间存在分化且遗传多样性低的群体(李斌和顾万春, 2005)。胡杨种质资源分布范围广泛, 对整个分布区的资源进行保护难度较大。因此, 在有限条件下保护有价值或有代表性的种质资源, 不失为一种经济有效的保护策略。在此过程中, 还需要全面衡量不同胡杨群体分布区面积大小、遗传多样性水平高低、分布区生态环境、实施保护的难易程度和经济成本等因素(Sáenz-romero et al, 2003)。

前期胡杨群体遗传学研究局限于狭窄地理区域, 采用的分子标记、个体或群体数量相对有限

(Wu et al, 2008; Eusemann et al, 2013; Xu et al, 2013; Wang et al, 2014), 或使用较为传统的非共显性标记(如AFLP、RAPD和SRAP) (Saito et al, 2002; Wang et al, 2011; Kansu & Kaya, 2020)。此外, 利用核标记和叶绿体DNA标记对中国西北地区胡杨群体结构和谱系地理学的初步研究表明, 新疆南疆和北疆胡杨群体存在明显的分化, 且南疆群体遗传多样性低于北疆(Zeng et al, 2018)。然而, 利用全基因组重测序对胡杨的27个天然群体252个个体的遗传多样性研究表明, 南疆和北疆群体间遗传分化程度较高, 南疆群体的遗传多样性高于北疆(Jia et al, 2020)。近期谱系生物地理学研究表明, 胡杨群体的遗传多样性可能与地理距离和环境因子有关, 其中遗传多样性与经度和纬度呈显著负相关, 且纬度对遗传多样性的影响更大, 而与最暖季和最干月降水量、年平均气温等环境因子呈显著正相关(Gai et al, 2021)。先前的研究表明胡杨和灰杨(*Populus pruinosa*)存在着基因流和分化时间的差异, 进而促进了胡杨物种形成的复杂性(Ma et al, 2018)。因此, 研究胡杨的遗传多样性和群体结构, 对于探索其适应性进化以及群体间的遗传关系具有重要意义。

单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphisms, SNPs)指单个核苷酸变异, 包括碱基转换、颠换等。SNPs具有二态性、高频率和稳定遗传等特性, 被认为是继限制性片段多态性标记、微卫星标记之后的第三代DNA遗传标记。随着高通量测

序技术的发展, SNPs标记的开发也变得相对容易, 因此被广泛应用于人类、动植物的分子遗传学研究中, 如基因的关联定位、遗传图谱的构建及群体遗传多样性的分析等(Kaiser et al, 2017)。

先前已有研究对植物核心种质构建的方法进行了探讨, 如系统抽样法(李自超等, 2000)、分组法(赵冰和张启翔, 2007)和最小距离逐步抽样法(Liu et al, 2020)。张玲等(2012)利用分子标记对天然灰杨群体遗传变异进行了研究, 结果表明灰杨群体内的遗传变异大于群体间。然而依据天然胡杨群体遗传多样性水平的高低来构建其保护单元的研究却未见报道。本研究通过采样逐步聚类优先取样法

和均值 t 检验来筛选出具有最小群体数目且遗传多样性保留率较高的保护单元群体, 为构建、评价和利用胡杨优质的核心保护群体提供依据, 同时也为其他林木种质资源的保护单元构建提供参考。

1 材料与方法

1.1 研究对象

2020年通过对中国西北地区天然胡杨林的实地考察, 获得了58个群体的采样点信息(表1)。其中每个群体选取30株左右的成年样株, 从每样株上取当年生条上基部开始第3节位的叶片, 在野外用硅胶干燥保存用于总DNA提取。为了减少无性系分

表1 本研究中58个胡杨群体采样信息

Table 1 Sampling information of 58 *Populus euphratica* populations in this study

地区 Region	样点 Site	群体 Population	经纬度 Location	海拔 Altitude (m)
新疆阿克苏 Aksu, SX	柯坪县 Kalpin County	AKS-KPX	79.52° E, 40.22° N	1,042–1,095
	阿瓦提县 Awat County	AKS-AWT	80.94° E, 40.36° N	1,000–1,036
	温宿县 Wensu County	AKS-WSX	80.79° E, 41.21° N	1,104–1,140
	沙雅县 Shaya County	AKS-SYX	83.42° E, 41.59° N	929–989
	库车县 Kuqa County	AKS-KCS	83.86° E, 41.28° N	917–934
	拜城县 Baicheng County	AKS-BCX	81.81° E, 41.66° N	1,231–1,256
	阿拉尔市 Alaer City	AKS-ALE	81.03° E, 40.51° N	1,012–1,038
新疆喀什 Kashgar, SX	巴楚县 Marabishi County	KS-BCX	78.31° E, 39.77° N	1,121–1,137
	麦盖提县 Makit County	KS-MGTX	78.24° E, 39.36° N	1,132–1,156
	岳普湖县 Yopurga County	KS-YPHX	77.24° E, 39.18° N	1,166–1,246
	伽师县 Payzawat County	KS-JSX	77.38° E, 39.65° N	1,161–1,174
	疏勒县 Shule County	KS-SLX	76.18° E, 30.17° N	1,259–1,279
	莎车县 Yarkant County	KS-SCX	77.36° E, 38.40° N	1,187–1,220
	叶城县 Yecheng County	KS-YCX	77.58° E, 38.18° N	1,230–1,299
新疆和田 Hotan, SX	皮山县 Pishan County	HT-PSX	79.01° E, 37.62° N	1,290–1,328
	墨玉县 Karakax County	HT-MYX	90.19° E, 37.77° N	1,239–1,290
	洛浦县 Lop County	HT-LPX	80.12° E, 37.43° N	1,101–1,284
	策勒县 Qira County	HT-CLX	81.03° E, 36.94° N	1,394–1,457
	于田县 Yutian County	HT-YTX	81.41° E, 37.60° N	1,263–1,452
	民丰县 Minfeng County	HT-MFX	82.79° E, 37.73° N	1,278–1,387
新疆巴音郭楞蒙古自治州 Bayingol Mongolian Autonomous Prefecture, SX	且末县 Qiemo County	BZ-QMX	84.09° E, 37.73° N	1,088–1,315
	若羌县 Ruoqiang County	BaZ-RQX	87.12° E, 38.78° N	801–984
	尉犁县 Yuli County	BaZ-YLX	85.77° E, 41.14° N	841–931
	库尔勒市 Korla City	BaZ-KEL	85.78° E, 41.53° N	884–895
	和硕县 Heshuo City	BaZ-HSX	86.85° E, 42.17° N	1,047–1,084
	轮台县 Bugur County	BaZ-LTX	84.25° E, 41.26° N	905–969
甘肃 Gansu	民勤县 Minqin County	GS-MQX	103.1° E, 38.65° N	1,283–1,323
	金塔县 Jinta County	GS-JTX	98.87° E, 39.93° N	1,191–1,284
	瓜州县 Guazhou County	GS-GZX	96.05° E, 40.54° N	1,027–1,218
	敦煌县 Dunhuang County	GS-DHX	94.83° E, 40.17° N	1,033–1,140
	阿克塞哈萨克族自治县 Kazak Autonomous County of Aksay	GS-AKS	93.43° E, 39.78° N	1,447–1,493

表1 (续) Table 1 (continued)

地区 Region	样点 Site	群体 Population	经纬度 Location	海拔 Altitude (m)
宁夏 Ningxia	中卫市 Zhongwei City	NIX-ZW	105.12° E, 37.59° N	1,207–1,220
内蒙古 Inner Mongolia	额济纳旗 Ejina	NMG-EJN	101.08° E, 41.97° N	813–926
	四子王旗 Siziwang Banner	NMG-SZWQ	111.27° E, 42.83° N	901–963
青海 Qinghai	格尔木市 Geermu City	QH-GEM	94.33° E, 36.44° N	2,709–2,936
北疆吐鲁番 Turpan, NX	托克逊县 Tuokexun County	TLF-TKX	88.17° E, 43.21° N	1,128–1,152
北疆哈密 Hami, NX	伊州区 Yizhou District	HM-YZQ	93.08° E, 42.59° N	390–405
	伊吾县 Yiwu County	HM-YWX	95.25° E, 43.66° N	456–489
	巴里坤县 Barkol County	HM-BLXX	93.97° E, 43.97° N	1,049–1,120
北疆昌吉 Changji, NX	木垒哈萨克自治县 Mulei Kazak Autonomous County	CJ-MLX	91.29° E, 44.82° N	730–756
	吉木萨尔县 Jimusaer County	CJ-JMSE	89.01° E, 44.07° N	670–676
	呼图壁县 Hutubi County	CJ-HTBX	86.90° E, 44.52° N	359–401
	玛纳斯县 Manasi County	CJ-MNSX	86.87° E, 44.66° N	353–362
北疆阿勒泰 Altay, NX	哈巴河县 Habahe County	ALT-HBH	86.26° E, 47.92° N	431–456
	福海县 Fuhai County	ALT-FHX	87.78° E, 47.21° N	489–494
	布尔津县 Burqin County	ALT-BEJ	86.94° E, 47.66° N	466–494
	富蕴县 Fuyun County	ALT-FYX	88.75° E, 46.91° N	677–724
北疆博州 Bortala Mongol Autonomous Prefecture, NX	阿拉山口市 Alashankou City	BoZ-ALSK	82.97° E, 45.01° N	194–206
	精河县 Jinghe County	BoZ-JHX	83.43° E, 44.91° N	203–217
北疆塔城 Tarbagatay, NX	沙湾县 Shawan County	TC-SWX	85.77° E, 44.88° N	312–328
	乌苏市 Wusu City	TC-WUSU	83.83° E, 44.80° N	260–268
	和丰县 Hefeng County	TC-HFX	85.27° E, 46.26° N	469–477
	托里县 Toli County	TC-TLX	85.32° E, 46.15° N	426–431
北疆伊犁哈萨克自治州 Ili Kazak Autonomous Prefecture, NX	霍城县 Huocheng County	YL-HCX	80.55° E, 44.09° N	631–638
	察布查尔锡伯自治县 Qapqal Xibe Autonomous County	YL-CX	80.69° E, 43.84° N	528–542
北疆克拉玛依 Karamay, NX	克拉玛依区 Karamay District	KLMYS	85.14° E, 45.33° N	271–278
	乌尔禾区 Urho District	KLMY-WEH	85.67° E, 46.13° N	296–302
北疆乌鲁木齐 Urumqi, NX	乌鲁木齐市 Urumqi City	WLMQ	88.35° E, 43.28° N	936–969

SX: 南疆; NX: 北疆; QH: 青海; GS: 甘肃; NIX: 宁夏; NM: 内蒙古。

SX, Southern Xinjiang; NX, Northern Xinjiang; QH, Qinghai; GS, Gansu; NIX, Ningxia; NM, Inner Mongolia.

株的影响, 每个群体所有取样个体至少间隔100 m, 同时对SNP基因型完全一致的个体进行去冗余。

1.2 天然胡杨群体遗传多样性分析

采用靶向测序技术(target sequencing)对样品进行基因型分析。首先基于公开发表的胡杨重测序数据(Jia et al, 2020)和本实验室的参考基因组数据, 进行高质量SNP检测, 从中选择胡杨19条染色体上均匀分布的120个区间作为靶向测序的目标区间。筛选标准如下: (1) SNP间隔大于50 kb; (2) SNP对应的最小等位基因频率(minor allele frequency)不小于0.4; (3) 杂合率不超过55%; (4) 基因型缺失率不超过25%, 同时也检测了获得的SNPs标记符合随机抽取的变异位点。利用改良的CTAB法(Allen et al, 2006)

提取叶片的DNA, 用Qubit 3.0 (Agiannitopoulos et al, 2020)检测DNA纯度(Thermo Qubit 3.0), 再通过多重PCR捕获目标区间, 最后利用Illumina 2500平台进行高通量测序。得到测序数据之后, 首先通过BWA软件将其比对到胡杨参考基因组(<http://bio-bwa.sourceforge.net/>), 随后利用GATK v3.7软件(DePristo et al., 2011)进行SNP分析。最后用GenAIEx 6.5软件(Peakall & Smouse, 2012)进行分子方差分析(AMOVA)和遗传多样性指标计算, 包括各群体的期望杂合度(H_e)、观测杂合度(H_o)、Shannon's信息指数(I)和多态信息含量(PI)等。用STRUCTURE v2.3.4软件分析群体结构(Earl & VonHoldt, 2012), 采用GCTA进行主成分分析(PCA)

(Yang et al, 2011)。利用Powermarker V3.25计算Nei's遗传距离(D) (Nei, 1983), 运用NTSYSpc 2.10e软件进行非加权组平均法(UPGMA)聚类分析(Rohlf, 1998)。

1.3 胡杨遗传多样性保护单元的构建及评价

通过计算不同胡杨天然群体的Nei's相似性系数(Nei, 1972), 采用逐步聚类优先取样法(曾宪君等, 2014; Wang et al, 2021)。按照遗传相似性从大到小的顺序将群体进行排序, 其中在遗传相似性最大的2个群体中, 剔除遗传多样性低的群体, 保留的57个群体记为CU57, 剔除的群体标记为R1; 如果2个群体的遗传多样性水平比较接近, 则考虑这2个群体的分布地环境及其保护成本高低, 从而做出可行性的删减; 依此类推, 直到天然群体的数目到2为止。然后对逐步聚类获得的不同天然群体的保护单元与初始群体间进行显著性分析。从CU57到CU2进行分析, 直到差异显著时为止; 此时上一组合所构成的胡杨保护单元, 则满足以最小的群体量尽可能多地代表整个群体遗传多样性的要求(李慧峰等, 2013)。

评价不同群体核心种质的指标包括期望杂合度(H_e) (Nei, 1973)、多态信息含量(PIC) (Botstein et al, 1980)和Shannon's信息指数(I) (Shannon & Weaver, 1959)等。通过计算天然胡杨保护群体、初始群体和剩余群体间遗传多样性指标并估算其变异程度的显著性水平, 并考虑胡杨保护群体数目大小和主要遗传多样性指标保留率的高低来实现对胡杨保护单元的代表性水平进行评价。所有群体的显著性分析均在SPSS 23软件中完成(IBM Corp., Armonk, NY, USA)。

1.4 胡杨古树遗传多样性保护单元的评价

胡杨古树是指估测树龄在100年以上的个体。利用卷尺测量每棵树的胸径, 然后通过Logistic方程表达式 $A = 13.679 / (1 + 3.3476 \times \exp(-0.2099 D))$ 来估测树龄, 其中 A 是树龄, D 是胸径(顾亚亚等, 2013)。本研究中对各群体胡杨古树单独统计, 计算其遗传多样性。

2 结果

2.1 胡杨群体结构及遗传多样性

群体结构和主成分分析表明中国胡杨主要分

为南疆(SX)、北疆(NX)、青海(QH)、混合群(甘肃、宁夏和内蒙古混合群, GNM) 4个分支(图1, 图2), 表现出明显的地理分布格局。遗传多样性分析表明南疆(SX)遗传多样性整体高于其他亚群(附录1)。进一步对58个天然胡杨群体的遗传多样性进行分析(表2), 结果表明新疆南疆喀什地区麦盖提县(KS-MGTX)群体的遗传多样性最高($I = 0.443$), 新疆北疆塔城地区托里县(TC-TLX)群体的遗传多样性最低($I = 0.153$)。胡杨群体13.74%和68.38%的变异分别来源于个体内和个体间, 17.88%的变异来源于群体间(表3)。

2.2 胡杨保护单元群体与初始群体间的差异性

根据不同群体的Nei's相似性系数, 采用逐步聚类优先取样法将58个天然群体逐步分为56个保护单元(CU2–CU57), 分别与初始58个群体进行遗传多样性比较(附录2), 发现在不同抽样比例下各保护单元的标准差数值波动范围小, 且各个遗传多样性保护单元均与初始群体无显著差异。

通过胡杨保护单元群体(CU2–CU57)分别与58初始58个群体遗传多样性指标的显著性分析, 可以发现在期望杂合度(H_e)的 t 检验中, 保护单元(CU2–CU7、CU33–CU57)均与初始群体无显著差异($P > 0.05$), 在观测杂合度(H_o)的 t 检验中, 保护单元(CU3–CU57)与初始群体均无显著差异, 在Shannon's信息指数(I)和多态信息含量(PIC)的 t 检验中, 保护单元(CU2–CU4、CU7、CU33–CU57)与初始群体均无显著差异(附录3)。综合以上4个遗传多样性指标, 符合与初始群体相比无显著差异的胡杨保护单元群体分别为CU3、CU4、CU7、CU33–CU57, 其中保护单元最小群体为CU3, CU3的保留率分别为90.471% (H_e)、107.118% (H_o)、88.090% (I)、88.551% (PIC), 保护单元CU3的3个群体分别为甘肃省民勤群体(GS-MQX)、喀什地区麦盖提群体(KS-MGTX)和青海省格尔木群体(QH-GEM)。为了最大限度保护有代表性的胡杨群体, 构建的二级核心保护单元也应该能较好地代表初始群体的遗传多样性, 且与初始群体无显著差异。结果表明最适宜的二级保护单元群体为CU33, 保留率分别为92.376% (H_e)、99.668% (H_o)、91.872% (I)、92.046% (PIC)、 H_e (92.376%)、 H_o (99.668%)、 I (91.872%)、 PIC (92.046%)。

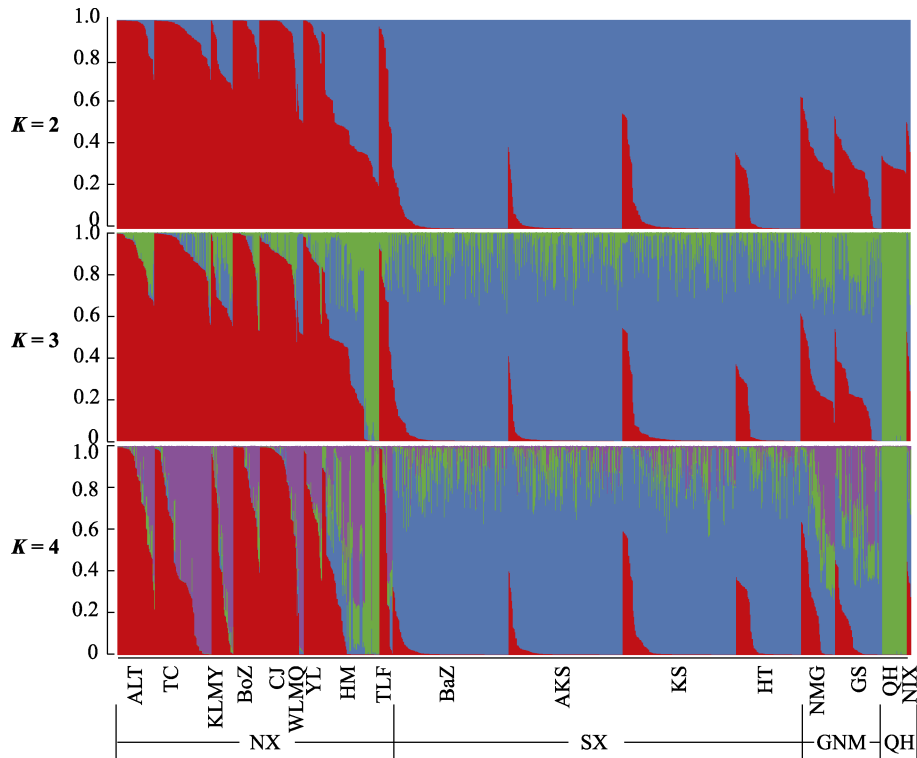


图1 中国西北地区胡杨群体的群体结构。SX: 南疆; NX: 北疆; QH: 青海; GNM: 甘肃、宁夏和内蒙古。群体代号见表1。
Fig. 1 The structural analysis of *Populus euphratica* populations in China. SX, Southern Xinjiang; NX, Northern Xinjiang; QH, Qinghai; GNM, Gansu, Ningxia, and Inner Mongolia. Population codes see Table 1.

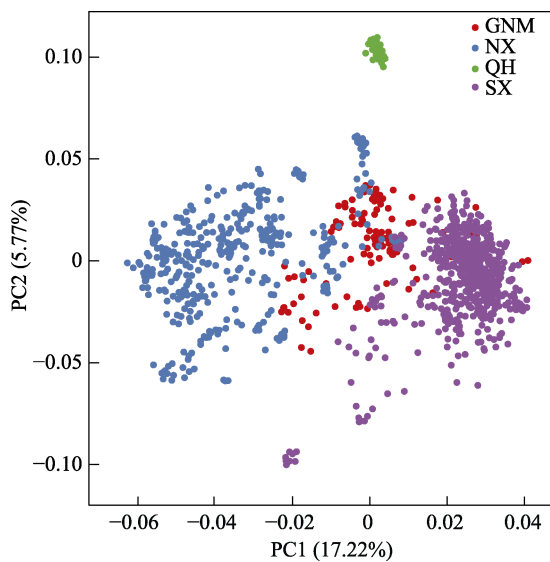


图2 中国西北地区胡杨群体的主成分分析。SX: 南疆; NX: 北疆; QH: 青海; GNM: 甘肃、宁夏和内蒙古。
Fig. 2 The PCA analysis of *Populus euphratica* populations in China. SX, Southern Xinjiang; NX, Northern Xinjiang; QH, Qinghai; GNM, Gansu, Ningxia, and Inner Mongolia.

2.3 天然胡杨保护群体与剩余群体间的差异性

首先比较了保护单元与初始群体遗传多样性

指标的差异显著性,发现与初始群体相比均无显著差异的胡杨保护单元群体为CU3、CU4、CU7、CU33–CU57;其次比较了胡杨保护单元群体与剩余群体遗传多样性指标的差异显著性,发现在期望杂合度(H_e)、Shannon's信息指数(I)和多态信息含量(PIC)的 t 检验中,保护单元CU3、CU4、CU56均与初始群体无显著差异($P > 0.05$);在观测杂合度(H_o)的 t 检验中,保护单元群体CU3、CU4、CU7、CU33–CU56与初始群体均无显著差异(附录4)。综合以上4个遗传多样性指标,符合与剩余群体相比无显著差异的胡杨保护单元群体为CU3、CU4、CU56,其中构建的保护单元最小群体为CU3, CU3的保留率分别为90.024% (H_e)、107.530% (H_o)、87.521% (I)、78.002% (PIC)。

2.4 遗传多样性保护单元的聚类分析

58个天然胡杨保护单元群体遗传距离的聚类结果(图3)表明,当遗传距离等于0.3时,58个群体分为两类,且构建的33个保护单元群体也分为两类:以南疆群体为代表聚为一类,以北疆群体为代表聚为另一类,进一步表明南疆和北疆的胡杨核心保护

单元群体的遗传分化程度有显著差异。

2.5 胡杨古树遗传多样性评价

23个胡杨古树群体的遗传多样性分析表明(表4),

古树群体的期望杂合度在0.144–0.274之间, 其中喀什地区麦盖提县古树群体(KS-MGTX)的期望杂合度最高, 昌吉地区木垒县古树群体(CJ-MLX)最低。

表2 58个天然胡杨群体的遗传多样性。群体代号见表1。

Table 2 Genetic diversity analysis of 58 natural populations of *Populus euphratica*. H_e , Expected heterozygosity; H_o , Observed heterozygosity; I , Shannon's information index; PIC , Polymorphism information content. Population codes see Table 1.

群体 Population	期望杂合度 H_e	观测杂合度 H_o	Shannon's 信息指数 I	多态信息 含量 PIC	群体 Population	期望杂合度 H_e	观测杂合度 H_o	Shannon's 信息指数 I	多态信息 含量 PIC
KS-MGTX	0.294	0.262	0.443	0.235	BoZ-JHX	0.217	0.217	0.327	0.174
AKS-ALE	0.278	0.270	0.420	0.223	TLF-TKX	0.213	0.230	0.321	0.171
KS-YPHX	0.266	0.261	0.406	0.215	AKS-WSX	0.211	0.238	0.319	0.169
HT-LPX	0.261	0.264	0.390	0.208	GS-DHX	0.210	0.242	0.310	0.165
HT-PSX	0.248	0.255	0.378	0.200	KLMYS	0.210	0.211	0.315	0.167
HT-YTX	0.246	0.244	0.373	0.198	TC-WUSU	0.208	0.239	0.314	0.167
KS-JSX	0.246	0.243	0.378	0.199	ALT-BEJ	0.205	0.219	0.308	0.164
NMG-EJN	0.244	0.238	0.368	0.196	TC-SWX	0.204	0.229	0.306	0.164
KS-BCX	0.244	0.245	0.374	0.197	HT-CLX	0.203	0.258	0.304	0.161
HT-MFX	0.241	0.259	0.368	0.195	GS-AKS	0.200	0.249	0.303	0.161
KS-SLX	0.240	0.248	0.365	0.193	CJ-HTB	0.198	0.255	0.297	0.159
NX-ZW	0.236	0.261	0.351	0.188	YL-HCX	0.184	0.239	0.274	0.147
AKS-SYX	0.234	0.233	0.358	0.189	CJ-JMSE	0.177	0.199	0.266	0.142
BaZ-KEL	0.234	0.253	0.355	0.188	YL-CX	0.177	0.222	0.271	0.145
GS-GZX	0.231	0.245	0.347	0.185	HM-BLKX	0.176	0.225	0.255	0.137
HT-MYX	0.230	0.241	0.350	0.185	TC-HFX	0.174	0.221	0.261	0.139
BaZ-HSX	0.230	0.250	0.344	0.183	ALT-FHX	0.174	0.214	0.266	0.142
KS-SCX	0.228	0.246	0.347	0.184	ALT-HBH	0.174	0.210	0.267	0.142
BaZ-RQX	0.228	0.244	0.347	0.183	KLMY-WEH	0.172	0.245	0.259	0.137
AKS-AWT	0.228	0.237	0.351	0.185	BoZ-ALSK	0.167	0.208	0.262	0.138
GS-JTX	0.228	0.243	0.342	0.182	HM-YZQ	0.164	0.239	0.247	0.131
BaZ-LTX	0.226	0.232	0.340	0.180	AKT-FYX	0.154	0.239	0.225	0.120
AKS-KCX	0.225	0.228	0.340	0.181	GS-MQX	0.145	0.274	0.205	0.110
AKS-BCX	0.224	0.237	0.345	0.181	CJ-MLX	0.142	0.253	0.204	0.109
CJ-MNS	0.224	0.254	0.333	0.178	WLMQ	0.140	0.218	0.214	0.112
BaZ-YLX	0.222	0.245	0.339	0.179	NMG-SZWQ	0.128	0.237	0.182	0.098
KS-YCX	0.222	0.247	0.335	0.178	QH-GEM	0.126	0.233	0.181	0.097
AKS-KPX	0.221	0.243	0.333	0.177	TC-TLX	0.109	0.204	0.153	0.082
BaZ-QMX	0.218	0.241	0.329	0.175	平均 Mean	0.208	0.239	0.314	0.167
HM-YWX	0.217	0.238	0.328	0.174	标准差 SD	0.039	0.016	0.061	0.032

表3 胡杨群体内和群体间遗传变异的分子方差分析

Table 3 Analysis of molecular variance of genetic variation within and among populations of *Populus euphratica*

来源 Source	自由度 Degree of freedom (df)	平方和 Sum of square (SS)	均方 Mean square (MS)	方差分量 Variance component	方差分量占比 Proportion (%)
群体间 Among populations	57	93,766.13	1,645.02	36.40	17.88
个体间 Among individuals	1,103	215,156.92	195.07	27.96	13.74
个体内 Within individual	1,161	161,558	139.15	139.15	68.38
总计 Total	2,321	470,481.05	–	203.51	100

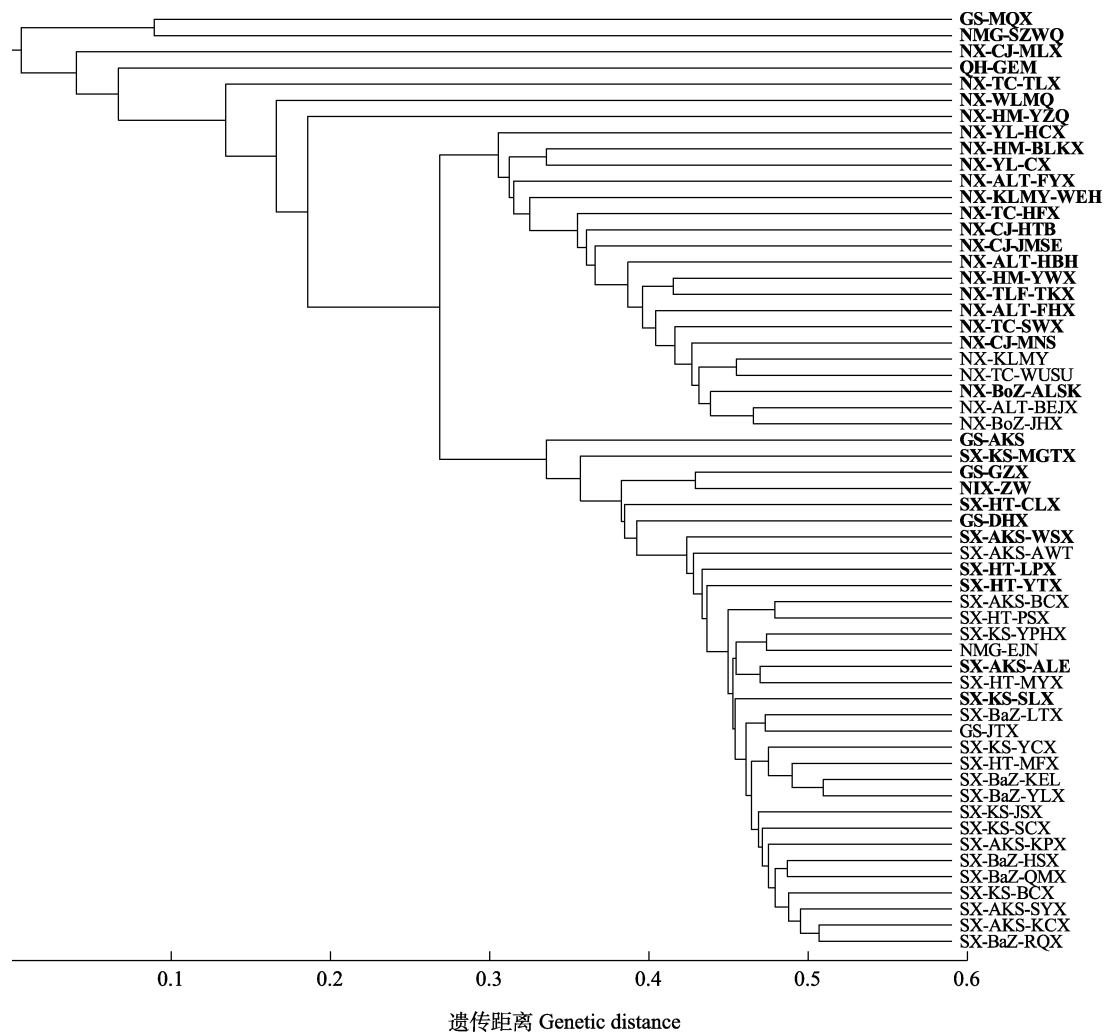


图3 58个胡杨群体遗传距离的聚类分析。群体采样信息见表1, 加粗字体为33个保护单元(CU33)。
Fig. 3 The cluster analysis based on genetic distance of 58 *Populus euphratica* populations. See Table 1 for sampling information of the populations, and bold font indicate the 33 conservation units (CU33).

表4 23个胡杨古树群体的遗传多样性。群体代号同表1。
Table 4 Genetic diversity analysis of 23 ancient *Populus euphratica* populations. H_e , Expected heterozygosity; H_o , Observed heterozygosity; I , Shannon's information index; PIC , Polymorphism information content. Population codes see Table 1.

群体 Population	期望杂合度 H_e	观测杂合度 H_o	Shannon's 信息指数 I	多态信息 含量 PIC	群体 Population	期望杂合度 H_e	观测杂合度 H_o	Shannon's 信息指数 I	多态信息 含量 PIC
KS-MGTX	0.274	0.268	0.439	0.236	AKS-WSX	0.221	0.256	0.331	0.176
KS-BCX	0.257	0.265	0.390	0.207	BaZ-YLX	0.218	0.247	0.326	0.174
KS-YPHX	0.252	0.277	0.377	0.201	BaZ-QMX	0.217	0.254	0.325	0.173
AKS-SYX	0.246	0.249	0.376	0.199	BoZ-JHX	0.212	0.231	0.308	0.164
AKS-BCX	0.244	0.250	0.373	0.197	HT-MFX	0.200	0.266	0.303	0.161
HM-YWX	0.236	0.258	0.354	0.189	TC-WUSU	0.198	0.240	0.286	0.152
BaZ-RQX	0.233	0.248	0.354	0.187	BaZ-HSX	0.181	0.259	0.261	0.140
HT-PSX	0.231	0.263	0.351	0.186	TC-HFX	0.175	0.229	0.262	0.139
BaZ-KEL	0.230	0.255	0.344	0.183	KLMY-WEH	0.167	0.258	0.253	0.134
AKS-KCX	0.225	0.243	0.339	0.180	BoZ-ALSK	0.164	0.221	0.251	0.133
AKS-KPX	0.224	0.267	0.329	0.176	CJ-MLX	0.144	0.260	0.211	0.113
BaZ-LTX	0.223	0.243	0.330	0.176					

Shannon's信息指数(H')也表现出相同的趋势。结合胡杨地理分布区域综合分析表明,胡杨古树主要分布在南疆,且南疆地区群体的遗传多样性整体上高于北疆。

3 讨论

3.1 天然胡杨群体遗传多样性的分布格局

了解不同分布区天然胡杨群体遗传多样性水平有助于从分子水平上保护其遗传种质资源和构建核心种质库。本研究对采集的58个胡杨天然群体统计表明,南疆群体最多(26个),北疆次之(23个),甘肃、青海、宁夏和内蒙古分布的群体最少。其中南疆群体的遗传多样性水平高于北疆及疆外群体(甘肃、青海、宁夏和内蒙古)。不同物种遗传多样性水平的高低与其分布区生态环境、物种繁殖能力及传播媒介等相关,例如具有分布广泛、种子离体寿命长、风媒传播等生物学特性的物种相对较易克服群体间的地理隔离,有利于不同群体间个体的杂交,从而使群体维持较高水平的遗传多样性(Hamrick et al, 1979)。胡杨具有寿命长、根蘖繁殖、风媒传粉、种子借风传播等生物学特性,有利于产生丰富的遗传变异,从而适应不同的环境条件,这可能是导致其群体遗传多样性丰富的主要原因(Wang et al, 2011)。同时,南疆地区胡杨种子成熟常常发生于洪水期(Eusemann et al, 2013),独特的环境条件有利于胡杨群体繁殖并建成大规模的有效群体,使得南疆成为全球胡杨分布最密集的地区(王世绩等, 1995)。此外,南疆地区有大量的灰杨分布,胡杨和灰杨为雌雄异株的异交树种,两物种开花阶段一致、花期重叠(王世绩等, 1995),风媒传粉为种间基因交流提供了可能(Wang et al, 2011; 张玲等, 2012; Ma et al, 2018)。先前的研究也表明胡杨和灰杨之间有明显的基因渐渗现象(Wang et al, 2014; Jia et al, 2020)。这些可能是南疆地区胡杨群体具有较高遗传多样性和较低群体分化的主要原因。

3.2 胡杨遗传多样性保护单元的构建

保护一个物种全部种质资源的遗传多样性既困难又昂贵,因此应该构建具有最小重复性和最大遗传多样性的核心子集,以代表一个物种的整个基因库(Anoumaa et al, 2017)。在本研究中,利用4个遗传多样性指标,将胡杨保护单元群体分别与初始

群体和剩余群体进行显著性分析,得到与初始群体和剩余群体均无显著性差异的胡杨核心保护单元CU3、CU34和CU56。其中CU3样本量最小,保留率最优,因此定义CU3为一级胡杨核心保护单元群体(CU3群体为GS-MQX、KS-MGTX、QH-GEM)。其抽样比例为5.17%,符合一般以5%–30%的抽样群体比例来覆盖整个初始群体的遗传变异(Wang et al, 2021)。考虑到胡杨的生态价值,例如作为极端干旱区仅存乔木树种,能够起到防风固沙、减缓土壤沙漠化的作用,为了让核心保护群体不仅从遗传多样性水平同时能够从表型性状多样性方面代表整个群体的多样性水平,选择原始58个群体大约一半的样本量作为胡杨的二级保护群体,且保护群体需满足与原始群体无显著差异,即此时二级保护单元群体也能较好地代表初始群体的遗传多样性。本文结果表明,样本量最适宜的胡杨保护单元群体为CU33。定义CU33作为胡杨二级核心保护单元群体,同时对CU33进行了聚类分析(图3),结果表明当遗传距离等于0.3时,新疆南疆和北疆的天然群体间出现了明显的遗传分化。

3.3 胡杨优先保护群体遗传多样性评价

同一物种不同群体的遗传多样性水平越高,所构建的核心种质数目越大(曾宪君等, 2014)。然而在天然胡杨群体二级核心保护单元群体CU33中,南疆大部分群体遗传多样性大于北疆群体(表2),但南疆的保护单元群体数目(7个)小于北疆(19个)(图3)。可能的原因是南疆不同群体的Nei's遗传相似性系数高,意味着南疆群体内遗传多样性水平高、群体间遗传分化程度低;其次由于生态环境的差异造成胡杨片断化的分布,且北疆地区胡杨群体长期地理隔离,导致群体间基因流动较少,从而形成了群体内低的遗传多样性和群体间高的遗传分化(Zeng et al, 2018; Jia et al, 2020)。因此,58个初始群体应选择更多的北疆群体作为保护单元群体,在构建的二级核心保护单元群体CU33中,北疆胡杨群体(19个)占比超过50%。保护单元CU33与初始58个群体在4个遗传多样性指标上的 t 检验均无显著差异,更说明CU33能很好地代表初始58个群体。


天然胡杨群体拥有大量优异抗逆基因资源,尤其对于古树资源的保护,无论是对遗传多样性保护还是优异抗逆基因资源挖掘均具有重要的意义。在本研究中23个胡杨古树群体主要分布在南疆,且


南疆地区胡杨古树群体的遗传多样性整体上高于北疆。新疆位于干旱和半干旱区, 不同分布区水资源供需矛盾大, 干旱性气候频繁, 尤其在极端和严重干旱等级中, 南疆的年均干旱分布区大于北疆(张喜成等, 2020)。同时天山山脉阻隔了南北疆之间直接的基因流动, 造成了南北疆不同群体的遗传差异(Zeng et al, 2018; Jia et al, 2020)。南、北疆巨大的地理和环境差异是造成遗传天然胡杨群体遗传多样性分布不均一的重要原因。基于保护群体遗传相似性, 北疆的胡杨群体被优先作为保护单元; 同时北疆的胡杨遗传多样性低暗示着北疆的群体可能是经历天然选择的结果, 对现存的生态环境具有更好的适应性。然而, 南疆地区胡杨群体具有比北疆更丰富的遗传多样性和胡杨古树资源, 且南疆干旱程度较北疆严重。因此, 胡杨多样性的保护既要考虑遗传多样性丰富的群体, 确保为群体的扩大提供丰富的基因库; 也需要考虑经历自然选择而保留下的低遗传多样性群体, 有助于挖掘适应特定自然生态环境的优良基因型。综合考虑, 为了更好地保护胡杨种质资源, 核心保护单元群体的构建对于南北疆的胡杨资源的保护十分必要。


此外, 胡杨存在多个谱系且与灰杨构成并系群, 胡杨与灰杨群体之间也存在较强的基因流(Ma et al, 2018)。前期的研究表明了新疆南疆灰杨群体的遗传多样性整体高于北疆(Gai et al, 2021)。这些结果暗示了灰杨的基因渗入可能促进了南疆胡杨较高的遗传多样性。未来在保护单元的基础上, 可根据胡杨谱系分布扩大对现存群体的保护范围。同时继续加大对新疆南疆胡杨古树群体的保护力度, 重视北疆胡杨林的更新换代。


致谢: 感谢张山河、孙健皓、韩晓莉、李秀、王佳宁、董晓山和王子健等同学在采样过程中的协助。


ORCID

陈向向  <https://orcid.org/0000-0002-6390-4950>

盖中帅  <https://orcid.org/0000-0002-0505-2681>

翟军团  <https://orcid.org/0000-0003-3179-7617>

吴智华  <https://orcid.org/0000-0002-2895-7256>

李志军  <https://orcid.org/0000-0003-1328-405X>

参考文献

Agiannitopoulos K, Samara P, Papadopoulou E, Tsamis K,

- Mertzanos G, Babalis D, Lamnissou K (2020) Study on the admission levels of circulating cell-free DNA in patients with acute myocardial infarction using different quantification methods. *Scandinavian Journal of Clinical and Laboratory Investigation*, 80, 1–3.
- Allen GC, Flores-Vergara MA, Krasynanski S, Kumar S, Thompson WF (2006) A modified protocol for rapid DNA isolation from plant tissues using cetyltrimethylammonium bromide. *Nature Protocols*, 1, 2320–2325.
- Anoumaa M, Yao NK, Kouam EB, Kanmegne G, Machuka E, Osama SK, Nzuki I, Kamga YB, Fonkou T, Omokolo DN (2017) Genetic diversity and core collection for potato (*Solanum tuberosum* L.) cultivars from Cameroon as revealed by SSR markers. *American Journal of Potato Research*, 94, 449–463.
- Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32, 314–331.
- DePristo MA, Banks E, Poplin R, Garimella KV, Maguire JR, Hartl C, Philippakis AA, del Angel G, Rivas MA, Hanna M, McKenna A, Fennell TJ, Kernysky AM, Sivachenko AY, Cibulskis K, Gabriel SB, Altshuler D, Daly MJA (2011) A framework for variation discovery and genotyping using next-generation DNA sequencing data. *Nature Genetics*, 43, 491–498.
- Dzialuk A, Chybicki I, Gout R, Mączka T, Fleischer P, Konrad H, Curtu AL, Sofletea N, Valadon A (2014) No reduction in genetic diversity of Swiss stone pine (*Pinus cembra* L.) in Tatra Mountains despite high fragmentation and small population size. *Conservation Genetics*, 15, 1433–1445.
- Earl DA, VonHoldt BM (2012) STRUCTURE HARVESTER: A website and program for visualizing structure output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*, 4, 359–361.
- Eusemann P, Petzold A, Thevs N, Schnittler M (2013) Growth patterns and genetic structure of *Populus euphratica* Oliv. (Salicaceae) forests in NW China—Implications for conservation and management. *Forest Ecology and Management*, 297, 27–36.
- Gai ZS, Zhai JT, Chen XX, Jiao PP, Zhang SH, Sun JH, Qin R, Liu H, Wu ZH, Li ZJ (2021) Phylogeography reveals geographic and environmental factors driving genetic differentiation of *Populus* sect. Turanga in northwest China. *Frontiers in Plant Science*, 12, 705083.
- Gu YY, Zhang SQ, Li XY, Li ZJ (2013) Relationship between diameter at breast height and age of endangered species *Populus euphratica* Oliv. *Journal of Tarim University*, 25(2), 66–69. (in Chinese with English abstract) [顾亚亚, 张世卿, 李先勇, 李志军 (2013) 濒危物种胡杨胸径与树龄关系研究. 塔里木大学学报, 25(2), 66–69.]
- Hamrick JL, Linhart YB, Mitton JB (1979) Relationships between life history characteristics and electrophoretically

detectable genetic variation in plants. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 10, 173–200.

- Jia HX, Liu GJ, Li JB, Zhang J, Sun P, Zhao ST, Zhou X, Lu MZ, Hu JJ (2020) Genome resequencing reveals demographic history and genetic architecture of seed salinity tolerance in *Populus euphratica*. *Journal of Experimental Botany*, 71, 4308–4320.
- Kaiser SA, Taylor SA, Chen N, Sillett TS, Bondra ER, Webster MS (2017) A comparative assessment of SNP and microsatellite markers for assigning parentage in a socially monogamous bird. *Molecular Ecology Resources*, 17, 183–193.
- Kansu C, Kaya Z (2020) Genetic diversity of marginal populations of *Populus euphratica* Oliv. from highly fragmented river ecosystems. *Silvae Genetica*, 69, 139–151.
- Li B, Gu WC (2005) Conservation genetics of *Pinus bungeana*—Evaluation and conservation of natural populations' genetic diversity. *Scientia Silvae Sinicae*, 41(1), 57–64. (in Chinese with English abstract) [李斌, 顾万春 (2005) 白皮松保育遗传学——天然群体遗传多样性评价与保护策略. *林业科学*, 41(1), 57–64.]
- Li HF, Chen TY, Huang YM, Wu CR, Li YQ, Lu SQ, Chen XT (2013) Sampling strategies of sweet potato core collection based on morphological traits. *Journal of Plant Genetic Resources*, 14, 91–96. (in Chinese with English abstract) [李慧峰, 陈天渊, 黄咏梅, 吴翠荣, 李彦青, 卢森权, 陈雄庭 (2013) 基于形态性状的甘薯核心种质取样策略研究. *植物遗传资源学报*, 14, 91–96.]
- Li ZC, Zhang HL, Zeng YW, Yang ZY, Shen SQ, Sun CQ, Wang XK (2000) Study on sampling schemes of core collection of local varieties of rice in Yunnan, China. *Scientia Agricultura Sinica*, 33(5), 1–7. (in Chinese with English abstract) [李自超, 张洪亮, 曾亚文, 杨忠义, 申时全, 孙传清, 王象坤 (2000) 云南地方稻种资源核心种质取样方案研究. *中国农业科学*, 33(5), 1–7.]
- Liu M, Hu X, Wang X, Zhang JJ, Peng XB, Hu ZG, Liu YF (2020) Constructing a core collection of the medicinal plant *Angelica biserrata* using genetic and metabolic data. *Frontiers in Plant Science*, 11, 600249.
- Ma T, Wang K, Hu QJ, Xi ZX, Wan DS, Wang Q, Feng JJ, Jiang DC, Ahani H, Abbott RJ, Lascoux M, Nevo E, Liu JQ (2018) Ancient polymorphisms and divergence hitchhiking contribute to genomic islands of divergence within a poplar species complex. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 115, 236–243.
- Nagamitsu T, Shimada KI, Kanazashi A (2014) A reciprocal transplant trial suggests a disadvantage of northward seed transfer in survival and growth of Japanese red pine (*Pinus densiflora*) trees. *Tree Genetics & Genomes*, 11, 1–10.
- Nei M (1972) Genetic distance between populations. *The American Naturalist*, 106, 283–292.
- Nei M (1973) Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 70, 3321–3323.
- Peakall R, Smouse PE (2012) GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—An update. *Bioinformatics*, 28, 2537–2539.
- Rohlf FJ (1998) NTSYSpc Version 2.0: User Guide. Applied Biostatistics Inc. Setauket, New York.
- Sáenz-romero C, Snively AE, Lindig-Cisneros R (2003) Conservation and restoration of pine forest genetic resources in Mexico. *Silvae Genetica*, 52, 233–237.
- Saito Y, Shiraishi S, Tanimoto T, Yin L, Watanabe S, Ide Y (2002) Genetic diversity of *Populus euphratica* populations in northwestern China determined by RAPD DNA analysis. *New Forests*, 23, 97–103.
- Shannon CE, Weaver W (1959) *The Mathematical Theory of Communication*. University of Illinois Press, Urbana.
- Tijerino A, Korpelainen H (2014) Molecular characterization of Nicaraguan *Pinus tecunumanii* Schw. ex Eguluz et Perry populations for *in situ* conservation. *Trees*, 28, 1249–1253.
- Wang J, Källman T, Liu J, Guo Q, Wu Y, Lin K, Lascoux M (2014) Speciation of two desert poplar species triggered by Pleistocene climatic oscillations. *Heredity*, 112, 156–164.
- Wang J, Wu YX, Ren GP, Guo QH, Liu JQ, Lascoux M (2011) Genetic differentiation and delimitation between ecologically diverged *Populus euphratica* and *P. pruinosa*. *PLoS ONE*, 6, e26530.
- Wang SJ, Chen BH, Li HQ (1995) *Populus euphratica* Forest. China Environmental Science Press, Beijing. (in Chinese) [王世绩, 陈炳浩, 李护群 (1995) 胡杨林. 中国环境科学出版社, 北京.]
- Wang XL, Cao ZL, Gao CJ, Li K (2021) Strategy for the construction of a core collection for *Pinus yunnanensis* Franch. to optimize timber based on combined phenotype and molecular marker data. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 68, 3219–3240.
- Wu YX, Wang J, Liu JQ (2008) Development and characterization of microsatellite markers in *Populus euphratica* (Populaceae). *Molecular Ecology Resources*, 8, 1142–1144.
- Xu F, Feng SS, Wu RL, Du FK (2013) Two highly validated SSR multiplexes (8-plex) for Euphrates' poplar, *Populus euphratica* (Salicaceae). *Molecular Ecology Resources*, 13, 144–153.
- Yang J, Lee SH, Goddard ME, Visscher PM (2011) GCTA: A tool for genome-wide complex trait analysis. *American Journal of Human Genetics*, 88, 76–82.
- Zeng XJ, Li D, Hu YP, Huang QJ, Su XH (2014) A preliminary study on construction of high-quality core collection of *Populus nigra*. *Scientia Silvae Sinicae*, 50(9), 51–58. (in Chinese with English abstract) [曾宪君, 李丹, 胡彦鹏, 黄秦军, 苏晓华 (2014) 欧洲黑杨优质核心种质库的初步构建. *林业科学*, 50(9), 51–58.]
- Zeng YF, Zhang JG, Abuduhamiti B, Wang WT, Jia ZQ (2018) Phylogeographic patterns of the desert poplar in Northwest

- China shaped by both geology and climatic oscillations. BMC Ecology and Evolution, 18, 75.
- Zhang L, Jiao PP, Li ZJ (2012) Genetic diversity of *Populus pruinosa* populations in Xinjiang of China based on SSR analysis. Chinese Journal of Ecology, 31, 2755–2761. (in Chinese with English abstract) [张玲, 焦培培, 李志军 (2012) 中国新疆灰叶胡杨群体遗传多样性的SSR分析. 生态学杂志, 31, 2755–2761.]
- Zhang XC, Xu CC, Song J, Li XF (2020) Analysis of drought characteristics in Xinjiang area based on remote sensing DSI index. Jiangsu Agricultural Sciences, 48, 239–246. (in Chinese with English abstract) [张喜成, 徐长春, 宋佳, 李晓菲 (2020) 基于遥感DSI的新疆干旱特征分析. 江苏农业科学, 48, 239–246.]
- Zhao B, Zhang QX (2007) Preliminary construction of the core germplasm of *Chimonanthus praecox* in China. Journal of Beijing Forestry University, 29(S1), 16–21. (in Chinese with English abstract) [赵冰, 张启翔 (2007) 中国蜡梅种质资源核心种质的初步构建. 北京林业大学学报, 29(S1), 16–21.]
- (责任编辑: 葛学军 责任编辑: 时意专)

附录 Supplementary Material

附录1 胡杨4个亚群间遗传多样性比较

Appendix 1 Comparison of genetic diversity among four subpopulations

<https://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2021249-1.pdf>

附录2 不同胡杨保护单元遗传多样性指标的多重比较

Appendix 2 Multiple comparison of genetic diversity indexes of different *Populus euphratica* conservation units

<https://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2021249-2.pdf>

附录3 胡杨保护单元与初始群体期望杂合度(H_e)、观测杂合度(H_o)、Shannon's信息指数(I)、多态信息含量(PIC)的 t 检验

Appendix 3 The t -test of the expected heterozygosity (H_e), observed heterozygosity (H_o), Shannon's information index (I), polymorphism information content (PIC) between conservation units and all populations of *Populus euphratica*

<https://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2021249-3.pdf>

附录4 胡杨核心保护单元与剩余群体期望杂合度(H_e)、观测杂合度(H_o)、Shannon's信息指数(I)、多态信息含量(PIC)的 t 检验

Appendix 4 The t -test of the expected heterozygosity (H_e), observed heterozygosity (H_o), Shannon's information index (I), polymorphism information content (PIC) between the conservation units and the rest populations of *Populus euphratica*

<https://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2021249-4.pdf>

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2021249>

附录1 胡杨4个亚群间遗传多样性比较

Appendix 1 Comparison of genetic diversity among four subpopulations

亚群体 Subpopulation	期望杂合度 H_e	观测杂合度 H_o	Shannon's 信息指数 I	多态信息含量 PI
SX	0.216	0.210	0.339	0.176
GNM	0.212	0.210	0.323	0.171
NX	0.206	0.197	0.317	0.167
QH	0.112	0.205	0.161	0.086

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2021249>

附录2 不同胡杨保护单元遗传多样性指标的多重比较

Appendix 2 Multiple comparison of genetic diversity indexes of different *Populus euphratica* conservation units

保护单元 Conservation units	群体数 No. populations	抽样比例 Sampling ratio	期望杂合度 H_e	观测杂合度 H_o	Shannon's 信息指 数 I	多态信息含 量 PIC
CU58	—	—	0.208 ± 0.039	0.239 ± 0.017	0.314 ± 0.061	0.167 ± 0.032
CU57	57	98.2759	0.208 ± 0.039	0.239 ± 0.017	0.313 ± 0.062	0.166 ± 0.032
CU56	56	96.5517	0.208 ± 0.039	0.239 ± 0.017	0.313 ± 0.062	0.166 ± 0.033
CU55	55	94.8276	0.207 ± 0.040	0.239 ± 0.017	0.312 ± 0.063	0.166 ± 0.033
CU54	54	93.1034	0.207 ± 0.040	0.239 ± 0.017	0.311 ± 0.063	0.165 ± 0.033
CU53	53	91.3793	0.206 ± 0.040	0.239 ± 0.017	0.311 ± 0.063	0.165 ± 0.033
CU52	52	89.6552	0.206 ± 0.041	0.239 ± 0.017	0.310 ± 0.064	0.165 ± 0.034
CU51	51	87.9310	0.206 ± 0.041	0.239 ± 0.017	0.310 ± 0.064	0.165 ± 0.034
CU50	50	86.2069	0.205 ± 0.041	0.239 ± 0.017	0.309 ± 0.065	0.164 ± 0.034
CU49	49	84.4828	0.205 ± 0.041	0.239 ± 0.018	0.308 ± 0.065	0.164 ± 0.034
CU48	48	82.7586	0.204 ± 0.042	0.239 ± 0.018	0.307 ± 0.065	0.163 ± 0.034
CU47	47	81.0345	0.203 ± 0.042	0.239 ± 0.018	0.306 ± 0.065	0.163 ± 0.034
CU46	46	79.3103	0.203 ± 0.042	0.239 ± 0.018	0.305 ± 0.066	0.162 ± 0.035
CU45	45	77.5862	0.202 ± 0.042	0.239 ± 0.018	0.304 ± 0.066	0.162 ± 0.035
CU44	44	75.8621	0.201 ± 0.041	0.238 ± 0.018	0.302 ± 0.065	0.160 ± 0.034
CU43	43	74.1379	0.201 ± 0.042	0.239 ± 0.018	0.301 ± 0.066	0.160 ± 0.035
CU42	42	72.4138	0.200 ± 0.042	0.239 ± 0.018	0.301 ± 0.066	0.160 ± 0.035
CU41	41	70.6897	0.199 ± 0.043	0.239 ± 0.019	0.299 ± 0.067	0.159 ± 0.035
CU40	40	68.9655	0.199 ± 0.043	0.239 ± 0.019	0.298 ± 0.067	0.159 ± 0.035
CU39	39	67.2414	0.198 ± 0.043	0.238 ± 0.019	0.297 ± 0.067	0.158 ± 0.036
CU38	38	65.5172	0.198 ± 0.044	0.238 ± 0.019	0.297 ± 0.068	0.158 ± 0.036
CU37	37	63.7931	0.196 ± 0.044	0.238 ± 0.019	0.295 ± 0.068	0.157 ± 0.036
CU36	36	62.0690	0.196 ± 0.044	0.238 ± 0.019	0.294 ± 0.069	0.157 ± 0.036
CU35	35	60.3448	0.195 ± 0.044	0.238 ± 0.019	0.292 ± 0.069	0.155 ± 0.036
CU34	34	58.6207	0.194 ± 0.044	0.239 ± 0.019	0.291 ± 0.069	0.155 ± 0.037
CU33	33	56.8966	0.192 ± 0.044	0.238 ± 0.019	0.288 ± 0.069	0.153 ± 0.036
CU32	32	55.1724	0.190 ± 0.043	0.238 ± 0.019	0.285 ± 0.067	0.152 ± 0.036
CU31	31	53.4483	0.189 ± 0.043	0.237 ± 0.019	0.282 ± 0.067	0.150 ± 0.035
CU30	30	51.7241	0.187 ± 0.043	0.237 ± 0.020	0.280 ± 0.067	0.149 ± 0.035
CU29	29	50.0000	0.188 ± 0.043	0.238 ± 0.019	0.281 ± 0.068	0.150 ± 0.036
CU28	28	48.2759	0.187 ± 0.044	0.238 ± 0.019	0.279 ± 0.069	0.149 ± 0.036
CU27	27	46.5517	0.186 ± 0.044	0.238 ± 0.020	0.278 ± 0.069	0.148 ± 0.037
CU26	26	44.8276	0.185 ± 0.045	0.239 ± 0.020	0.277 ± 0.071	0.148 ± 0.037
CU25	25	43.1034	0.185 ± 0.046	0.238 ± 0.020	0.276 ± 0.072	0.147 ± 0.038
CU24	24	41.3793	0.183 ± 0.046	0.238 ± 0.020	0.273 ± 0.072	0.146 ± 0.038
CU23	23	39.6552	0.181 ± 0.045	0.238 ± 0.021	0.269 ± 0.071	0.144 ± 0.038
CU22	22	37.9310	0.181 ± 0.04	0.239 ± 0.021	0.269 ± 0.072	0.144 ± 0.038
CU21	21	36.2069	0.180 ± 0.047	0.239 ± 0.021	0.267 ± 0.074	0.143 ± 0.039
CU20	20	34.4828	0.180 ± 0.048	0.240 ± 0.021	0.267 ± 0.076	0.143 ± 0.040
CU19	19	32.7586	0.175 ± 0.044	0.238 ± 0.020	0.259 ± 0.068	0.138 ± 0.036
CU18	18	31.0345	0.175 ± 0.045	0.238 ± 0.020	0.259 ± 0.070	0.139 ± 0.037
CU17	17	29.3103	0.174 ± 0.046	0.237 ± 0.021	0.257 ± 0.072	0.137 ± 0.038
CU16	16	27.5862	0.175 ± 0.047	0.237 ± 0.021	0.259 ± 0.074	0.138 ± 0.039

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2021249>

保护单元 Conservation units	群体数 No. populations	抽样比例 Sampling ratio	期望杂合度 H_e	观测杂合度 H_o	Shannon's 信息指 数 I	多态信息含 量 PIC
CU15	15	25.8621	0.175 ±0.049	0.239 ±0.019	0.259 ±0.076	0.138 ±0.041
CU14	14	24.1379	0.171 ±0.049	0.238 ±0.020	0.253 ±0.076	0.135 ±0.040
CU13	13	22.4138	0.171 ±0.051	0.240 ±0.020	0.253 ±0.079	0.135 ±0.042
CU12	12	20.6897	0.170 ±0.053	0.241 ±0.020	0.252 ±0.083	0.135 ±0.044
CU11	11	18.9655	0.170 ±0.055	0.243 ±0.020	0.251 ±0.087	0.134 ±0.046
CU10	10	17.2414	0.163 ±0.054	0.241 ±0.020	0.241 ±0.084	0.128 ±0.045
CU9	9	15.5172	0.169 ±0.053	0.245 ±0.017	0.250 ±0.083	0.133 ±0.044
CU8	8	13.7931	0.173 ±0.056	0.244 ±0.017	0.256 ±0.087	0.136 ±0.046
CU7	7	12.0690	0.177 ±0.058	0.248 ±0.015	0.262 ±0.092	0.140 ±0.049
CU6	6	10.3448	0.173 ±0.063	0.247 ±0.017	0.255 ±0.099	0.136 ±0.052
CU5	5	8.6207	0.171 ±0.070	0.249 ±0.018	0.252 ±0.110	0.134 ±0.058
CU4	4	6.8966	0.173 ±0.081	0.252 ±0.020	0.253 ±0.127	0.135 ±0.067
CU3	3	5.1724	0.188 ±0.092	0.256 ±0.021	0.276 ±0.145	0.148 ±0.076
CU2	2	3.4483	0.219 ±0.105	0.268 ±0.009	0.324 ±0.168	0.173 ±0.088

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2021249>

附录3 胡杨保护单元与初始群体期望杂合度(H_e) (A)、观测杂合度(H_o) (B)、Shannon's信息指数(I) (C)、多态信息含量(PIC) (D)的 t 检验
Appendix 3 The t -test of the expected heterozygosity (H_e) (A), observed heterozygosity (H_o) (B), Shannon's information index (I) (C), polymorphism information content (PIC) (D) between conservation units and all populations of *Populus euphratica*

附录 3A 胡杨保护单元与初始群体期望杂合度(H_e)的 t 检验
Appendix 3A The t -test of the expected heterozygosity (H_e) between conservation units and all populations of *Populus euphratica*

保护单元 Conservation units	抽样比例 Sampling ratio	平均值 Mean	保留率 Retention rate	标准差 SD	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	t 检验 t -test	显著 度 sig
初始群体	—	0.208	—	0.039	—	—	—	—
CU57	98.276	0.208	99.858	0.039	0.000	0.007	0.041	0.968
CU56	96.552	0.208	99.710	0.039	0.001	0.007	0.082	0.934
CU55	94.828	0.207	99.531	0.040	0.001	0.007	0.132	0.895
CU54	93.103	0.207	99.292	0.040	0.001	0.007	0.198	0.843
CU53	91.379	0.206	99.121	0.040	0.002	0.007	0.244	0.808
CU52	89.655	0.206	98.961	0.040	0.002	0.008	0.286	0.775
CU51	87.931	0.206	98.850	0.041	0.002	0.008	0.314	0.754
CU50	86.207	0.205	98.577	0.041	0.003	0.008	0.385	0.701
CU49	84.483	0.205	98.425	0.041	0.003	0.008	0.422	0.674
CU48	82.759	0.204	98.038	0.041	0.004	0.008	0.523	0.602
CU47	81.034	0.203	97.629	0.041	0.005	0.008	0.629	0.531
CU46	79.310	0.203	97.348	0.042	0.006	0.008	0.697	0.487
CU45	77.586	0.202	97.080	0.042	0.006	0.008	0.754	0.452
CU44	75.862	0.201	96.378	0.041	0.007	0.008	0.939	0.350
CU43	74.138	0.201	96.335	0.042	0.008	0.008	0.945	0.347
CU42	72.414	0.200	96.087	0.042	0.008	0.008	0.999	0.320
CU41	70.690	0.199	95.761	0.043	0.009	0.008	1.072	0.287
CU40	68.966	0.199	95.414	0.043	0.010	0.008	1.148	0.254
CU39	67.241	0.198	95.026	0.043	0.010	0.008	1.233	0.221
CU38	65.517	0.198	94.899	0.044	0.011	0.009	1.249	0.215
CU37	63.793	0.196	94.333	0.044	0.012	0.009	1.377	0.172
CU36	62.069	0.196	94.158	0.044	0.012	0.009	1.401	0.165
CU35	60.345	0.195	93.474	0.044	0.014	0.009	1.556	0.123
CU34	58.621	0.194	93.165	0.044	0.014	0.009	1.609	0.111
CU33	56.897	0.192	92.376	0.044	0.016	0.009	1.786	0.078
CU32	55.172	0.190	91.339	0.043	0.018	0.009	2.032	0.045
CU31	53.448	0.189	90.564	0.043	0.020	0.009	2.198	0.031
CU30	51.724	0.187	89.887	0.043	0.021	0.009	2.333	0.022
CU29	50.000	0.188	90.219	0.043	0.020	0.009	2.221	0.029
CU28	48.276	0.187	89.782	0.044	0.021	0.009	2.285	0.025
CU27	46.552	0.186	89.347	0.044	0.022	0.009	2.345	0.021
CU26	44.828	0.185	89.024	0.045	0.023	0.010	2.373	0.020
CU25	43.103	0.185	88.687	0.046	0.024	0.010	2.401	0.019

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2021249>

保护单元 Conservation units	抽样比例 Sampling ratio	平均值 Mean	保留率 Retention rate	标准差 SD	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	<i>t</i> 检验 <i>t</i> -test	显著 度 <i>sig</i>
CU24	41.379	0.183	88.045	0.046	0.025	0.010	2.495	0.015
CU23	39.655	0.181	86.739	0.045	0.028	0.010	2.751	0.007
CU22	37.931	0.181	86.893	0.046	0.027	0.010	2.660	0.009
CU21	36.207	0.180	86.240	0.047	0.029	0.010	2.736	0.008
CU20	34.483	0.180	86.385	0.048	0.028	0.011	2.642	0.010
CU19	32.759	0.175	83.917	0.044	0.033	0.011	3.166	0.002
CU18	31.034	0.175	83.982	0.045	0.033	0.011	3.069	0.003
CU17	29.310	0.174	83.336	0.046	0.035	0.011	3.109	0.003
CU16	27.586	0.175	83.937	0.047	0.033	0.011	2.912	0.005
CU15	25.862	0.175	83.852	0.049	0.034	0.012	2.834	0.006
CU14	24.138	0.171	82.168	0.049	0.037	0.012	3.057	0.003
CU13	22.414	0.171	82.045	0.051	0.037	0.013	2.965	0.004
CU12	20.690	0.170	81.858	0.053	0.038	0.013	2.878	0.005
CU11	18.966	0.170	81.558	0.055	0.038	0.014	2.801	0.007
CU10	17.241	0.163	78.360	0.053	0.045	0.014	3.201	0.002
CU9	15.517	0.169	81.228	0.053	0.039	0.015	2.673	0.010
CU8	13.793	0.173	82.886	0.056	0.036	0.015	2.306	0.024
CU7	12.069	0.177	85.149	0.058	0.031	0.016	1.882	0.064
CU6	10.345	0.173	83.299	0.063	0.035	0.018	1.965	0.054
CU5	8.621	0.171	82.312	0.070	0.037	0.019	1.900	0.062
CU4	6.897	0.173	83.162	0.081	0.035	0.041	0.861	0.451
CU3	5.172	0.188	90.471	0.092	0.020	0.053	0.373	0.744
CU2	3.448	0.219	105.376	0.105	-0.011	0.074	-0.150	0.905

附录 3B 胡杨保护单元与初始群体观测杂合度(H_o)的 t 检验

Appendix 3B The t -test of the observed heterozygosity (H_o) between conservation units and all populations of *Populus euphratica*

保护单元 Conservation units	抽样比例 Sampling ratio	平均 数 Mean	保留率 Retention rate	标准 差 SD	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	<i>t</i> 检 验 <i>t</i> -test	显著 度 <i>sig</i>
初始群体	—	0.239	—	0.016	—	—	—	—
CU57	98.276	0.239	99.962	0.017	0.000	0.003	0.030	0.976
CU56	96.552	0.239	100.043	0.017	0.000	0.003	-	0.973
CU55	94.828	0.239	100.005	0.017	0.000	0.003	- 0.004	0.997
CU54	93.103	0.239	99.900	0.017	0.000	0.003	0.076	0.940
CU53	91.379	0.239	99.955	0.017	0.000	0.003	0.034	0.973
CU52	89.655	0.239	99.970	0.017	0.000	0.003	0.023	0.982
CU51	87.931	0.239	99.954	0.017	0.000	0.003	0.034	0.973
CU50	86.207	0.239	100.003	0.017	0.000	0.003	- 0.002	0.998
CU49	84.483	0.239	99.969	0.018	0.000	0.003	0.023	0.982
CU48	82.759	0.239	99.920	0.018	0.000	0.003	0.058	0.954
CU47	81.034	0.239	99.929	0.018	0.000	0.003	0.051	0.960

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2021249>

保护单元 Conservation units	抽样比例 Sampling ratio	平均 数 Mean	保留率 Retention rate	标准 差 SD	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	t 检 验 t-test	显著 度 sig
CU46	79.310	0.239	99.913	0.018	0.000	0.003	0.061	0.951
CU45	77.586	0.239	99.880	0.018	0.000	0.003	0.083	0.934
CU44	75.862	0.238	99.672	0.018	0.001	0.003	0.227	0.821
CU43	74.138	0.239	99.860	0.018	0.000	0.003	0.096	0.923
CU42	72.414	0.239	99.784	0.018	0.001	0.004	0.147	0.883
CU41	70.690	0.239	99.799	0.019	0.000	0.004	0.135	0.893
CU40	68.966	0.239	99.720	0.019	0.001	0.004	0.186	0.853
CU39	67.241	0.238	99.603	0.019	0.001	0.004	0.262	0.794
CU38	65.517	0.238	99.596	0.019	0.001	0.004	0.263	0.793
CU37	63.793	0.238	99.366	0.019	0.002	0.004	0.410	0.683
CU36	62.069	0.238	99.671	0.019	0.001	0.004	0.213	0.832
CU35	60.345	0.238	99.613	0.019	0.001	0.004	0.247	0.806
CU34	58.621	0.239	99.873	0.019	0.000	0.004	0.080	0.936
CU33	56.897	0.238	99.668	0.019	0.001	0.004	0.208	0.836
CU32	55.172	0.238	99.339	0.019	0.002	0.004	0.413	0.681
CU31	53.448	0.237	99.196	0.019	0.002	0.004	0.495	0.622
CU30	51.724	0.237	99.083	0.019	0.002	0.004	0.556	0.580
CU29	50.000	0.238	99.495	0.019	0.001	0.004	0.306	0.761
CU28	48.276	0.238	99.610	0.019	0.001	0.004	0.232	0.817
CU27	46.552	0.238	99.613	0.020	0.001	0.004	0.226	0.821
CU26	44.828	0.239	99.762	0.020	0.001	0.004	0.137	0.892
CU25	43.103	0.238	99.439	0.020	0.001	0.004	0.319	0.750
CU24	41.379	0.238	99.436	0.020	0.001	0.004	0.314	0.754
CU23	39.655	0.238	99.317	0.021	0.002	0.004	0.372	0.711
CU22	37.931	0.239	99.775	0.021	0.001	0.004	0.122	0.904
CU21	36.207	0.239	99.718	0.021	0.001	0.005	0.149	0.882
CU20	34.483	0.240	100.323	0.021	-0.001	0.005	- 0.169	0.866
CU19	32.759	0.238	99.669	0.020	0.001	0.005	0.172	0.864
CU18	31.034	0.238	99.509	0.020	0.001	0.005	0.249	0.804
CU17	29.310	0.237	99.092	0.021	0.002	0.005	0.451	0.653
CU16	27.586	0.237	99.049	0.021	0.002	0.005	0.459	0.648
CU15	25.862	0.239	100.095	0.019	0.000	0.005	- 0.046	0.964
CU14	24.138	0.238	99.672	0.020	0.001	0.005	0.154	0.878
CU13	22.414	0.240	100.225	0.020	-0.001	0.005	- 0.103	0.918
CU12	20.690	0.241	100.753	0.020	-0.002	0.005	- 0.332	0.741
CU11	18.966	0.243	101.491	0.020	-0.004	0.006	- 0.635	0.528
CU10	17.241	0.241	100.737	0.020	-0.002	0.006	- 0.302	0.764
CU9	15.517	0.245	102.445	0.017	-0.006	0.006	- 0.990	0.326
CU8	13.793	0.244	102.009	0.017	-0.005	0.006	- 0.768	0.445
CU7	12.069	0.248	103.539	0.015	-0.008	0.007	- 1.293	0.201

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2021249>

保护单元 Conservation units	抽样比例 Sampling ratio	平均 数 Mean	保留率 Retention rate	标准 差 SD	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	<i>t</i> 检 验 <i>t</i> -test	显著 度 <i>sig</i>
CU6	10.345	0.247	103.418	0.017	-0.008	0.007	- 1.156	0.252
CU5	8.621	0.249	104.102	0.018	-0.010	0.008	- 1.270	0.209
CU4	6.897	0.251	105.118	0.020	-0.012	0.009	- 1.422	0.160
CU3	5.172	0.256	107.118	0.021	-0.017	0.010	- 1.726	0.090
CU2	3.448	0.268	112.016	0.009	-0.029	0.012	- 2.440	0.018

附录 3C 胡杨核心保护单元与初始群体 Shannon’s 信息指数(*I*)的 *t* 检验
Appendix 3C The *t*-test of the Shannon’s information index (*I*) between conservation units and all populations of *Populus euphratica*

保护单元 Conservation units	抽样比例 Sampling ratio	平均 数 Mean	保留率 Retention rate	标准 差 SD	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	<i>t</i> 检 验 <i>t</i> -test	显著 度 <i>sig</i>
初始群体	—	0.314	—	0.061	—	—	—	—
CU57	98.276	0.313	99.947	0.062	0.000	0.011	0.038	0.970
CU56	96.552	0.313	99.792	0.062	0.001	0.012	0.080	0.936
CU55	94.828	0.312	99.594	0.062	0.002	0.012	0.133	0.895
CU54	93.103	0.311	99.342	0.063	0.002	0.012	0.199	0.843
CU53	91.379	0.311	99.171	0.063	0.003	0.012	0.243	0.809
CU52	89.655	0.310	98.963	0.064	0.004	0.012	0.295	0.768
CU51	87.931	0.310	98.845	0.064	0.004	0.012	0.323	0.747
CU50	86.207	0.309	98.535	0.065	0.005	0.012	0.401	0.689
CU49	84.483	0.308	98.377	0.065	0.005	0.012	0.438	0.662
CU48	82.759	0.307	97.937	0.065	0.007	0.012	0.548	0.585
CU47	81.034	0.306	97.522	0.065	0.008	0.012	0.650	0.517
CU46	79.310	0.305	97.217	0.066	0.009	0.012	0.721	0.472
CU45	77.586	0.304	96.954	0.066	0.010	0.013	0.780	0.437
CU44	75.862	0.301	96.212	0.065	0.012	0.013	0.967	0.336
CU43	74.138	0.301	96.164	0.066	0.012	0.013	0.968	0.336
CU42	72.414	0.301	95.909	0.066	0.013	0.013	1.020	0.310
CU41	70.690	0.299	95.518	0.067	0.014	0.013	1.106	0.272
CU40	68.966	0.298	95.137	0.067	0.016	0.013	1.187	0.238
CU39	67.241	0.297	94.760	0.067	0.017	0.013	1.264	0.209
CU38	65.517	0.297	94.619	0.068	0.017	0.013	1.281	0.203
CU37	63.793	0.295	94.003	0.068	0.019	0.013	1.416	0.160
CU36	62.069	0.294	93.818	0.069	0.020	0.014	1.440	0.153
CU35	60.345	0.292	93.055	0.069	0.022	0.014	1.608	0.111
CU34	58.621	0.291	92.722	0.069	0.023	0.014	1.663	0.100
CU33	56.897	0.288	91.872	0.069	0.026	0.014	1.847	0.068
CU32	55.172	0.285	90.849	0.067	0.029	0.014	2.076	0.041
CU31	53.448	0.282	89.949	0.067	0.032	0.014	2.246	0.027
CU30	51.724	0.280	89.259	0.067	0.034	0.014	2.376	0.020
CU29	50.000	0.281	89.460	0.068	0.033	0.014	2.293	0.024

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2021249>

保护单元 Conservation units	抽样比例 Sampling ratio	平均 数 Mean	保留率 Retention rate	标准 差 SD	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	<i>t</i> 检 验 <i>t</i> -test	显著 度 <i>sig</i>
CU28	48.276	0.279	89.004	0.068	0.034	0.015	2.356	0.021
CU27	46.552	0.278	88.530	0.069	0.036	0.015	2.419	0.018
CU26	44.828	0.277	88.182	0.070	0.037	0.015	2.448	0.016
CU25	43.103	0.275	87.836	0.072	0.038	0.015	2.473	0.015
CU24	41.379	0.273	87.140	0.072	0.040	0.016	2.573	0.012
CU23	39.655	0.269	85.760	0.071	0.045	0.016	2.833	0.006
CU22	37.931	0.269	85.805	0.072	0.045	0.016	2.761	0.007
CU21	36.207	0.267	85.191	0.074	0.046	0.016	2.821	0.006
CU20	34.483	0.267	85.202	0.076	0.046	0.017	2.751	0.007
CU19	32.759	0.259	82.640	0.068	0.054	0.017	3.272	0.002
CU18	31.034	0.259	82.652	0.070	0.054	0.017	3.182	0.002
CU17	29.310	0.257	81.943	0.072	0.057	0.018	3.227	0.002
CU16	27.586	0.259	82.579	0.074	0.055	0.018	3.025	0.003
CU15	25.862	0.259	82.425	0.076	0.055	0.019	2.954	0.004
CU14	24.138	0.253	80.722	0.076	0.060	0.019	3.162	0.002
CU13	22.414	0.253	80.520	0.079	0.061	0.020	3.079	0.003
CU12	20.690	0.252	80.454	0.083	0.061	0.021	2.968	0.004
CU11	18.966	0.251	79.909	0.086	0.063	0.022	2.922	0.005
CU10	17.241	0.241	76.710	0.084	0.073	0.022	3.293	0.002
CU9	15.517	0.250	79.812	0.083	0.063	0.023	2.750	0.008
CU8	13.793	0.256	81.642	0.087	0.058	0.024	2.367	0.021
CU7	12.069	0.262	83.571	0.092	0.052	0.026	1.989	0.051
CU6	10.345	0.255	81.421	0.099	0.058	0.028	2.090	0.041
CU5	8.621	0.252	80.227	0.110	0.062	0.031	2.031	0.047
CU4	6.897	0.253	80.604	0.127	0.061	0.064	0.950	0.410
CU3	5.172	0.276	88.090	0.145	0.037	0.084	0.445	0.699
CU2	3.448	0.324	103.245	0.168	-0.010	0.119	- 0.085	0.946

附录 3D 胡杨核心保护单元与初始群体多态信息含量(PIC)的 *t* 检验

Appendix 3D The *t*-test of the polymorphism information content (PIC) between conservation units and all populations of *Populus euphratica*

保护单元 Conservation units	抽样比例 Sampling ratio	平均 数 Mean	保留率 Retention rate	标准 差 SD	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	<i>t</i> 检 验 <i>t</i> -test	显著 度 <i>sig</i>
初始群体	—	0.167	—	0.032	—	—	—	—
CU57	98.276	0.166	99.867	0.032	0.000	0.006	0.037	0.971
CU56	96.552	0.166	99.712	0.033	0.000	0.006	0.079	0.937
CU55	94.828	0.166	99.527	0.033	0.001	0.006	0.129	0.898
CU54	93.103	0.165	99.280	0.033	0.001	0.006	0.195	0.846
CU53	91.379	0.165	99.110	0.033	0.001	0.006	0.239	0.812
CU52	89.655	0.165	98.926	0.033	0.002	0.006	0.286	0.775
CU51	87.931	0.165	98.809	0.034	0.002	0.006	0.314	0.754

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2021249>

保护单元 Conservation units	抽样比例 Sampling ratio	平均数 Mean	保留率 Retention rate	标准差 SD	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	t 检验 t-test	显著度 sig
CU50	86.207	0.164	98.521	0.034	0.002	0.006	0.387	0.699
CU49	84.483	0.164	98.365	0.034	0.003	0.006	0.424	0.672
CU48	82.759	0.163	97.951	0.034	0.003	0.006	0.528	0.598
CU47	81.034	0.163	97.537	0.034	0.004	0.007	0.631	0.529
CU46	79.310	0.162	97.239	0.035	0.005	0.007	0.702	0.484
CU45	77.586	0.162	96.972	0.035	0.005	0.007	0.763	0.448
CU44	75.862	0.160	96.245	0.034	0.006	0.007	0.947	0.346
CU43	74.138	0.160	96.198	0.035	0.006	0.007	0.948	0.345
CU42	72.414	0.160	95.951	0.035	0.007	0.007	0.999	0.320
CU41	70.690	0.159	95.576	0.035	0.007	0.007	1.082	0.282
CU40	68.966	0.159	95.209	0.035	0.008	0.007	1.161	0.249
CU39	67.241	0.158	94.831	0.036	0.009	0.007	1.240	0.218
CU38	65.517	0.158	94.695	0.036	0.009	0.007	1.256	0.212
CU37	63.793	0.157	94.095	0.036	0.010	0.007	1.389	0.168
CU36	62.069	0.157	93.918	0.036	0.010	0.007	1.412	0.161
CU35	60.345	0.155	93.192	0.036	0.011	0.007	1.572	0.119
CU34	58.621	0.155	92.869	0.037	0.012	0.007	1.625	0.108
CU33	56.897	0.153	92.046	0.036	0.012	0.007	1.666	0.099
CU32	55.172	0.152	91.020	0.036	0.015	0.007	2.037	0.045
CU31	53.448	0.150	90.220	0.035	0.016	0.007	2.203	0.030
CU30	51.724	0.149	89.531	0.035	0.017	0.007	2.335	0.022
CU29	50.000	0.150	89.771	0.036	0.017	0.008	2.244	0.027
CU28	48.276	0.149	89.314	0.036	0.018	0.008	2.309	0.023
CU27	46.552	0.148	88.856	0.037	0.019	0.008	2.370	0.020
CU26	44.828	0.147	88.497	0.037	0.019	0.008	2.403	0.019
CU25	43.103	0.147	88.170	0.038	0.020	0.008	2.426	0.018
CU24	41.379	0.146	87.492	0.038	0.021	0.008	2.523	0.014
CU23	39.655	0.144	86.134	0.038	0.023	0.008	2.780	0.007
CU22	37.931	0.144	86.176	0.038	0.023	0.008	2.711	0.008
CU21	36.207	0.143	85.571	0.039	0.024	0.009	2.771	0.007
CU20	34.483	0.143	85.586	0.040	0.024	0.009	2.701	0.009
CU19	32.759	0.138	83.036	0.036	0.028	0.009	3.224	0.002
CU18	31.034	0.138	83.085	0.037	0.028	0.009	3.128	0.003
CU17	29.310	0.137	82.359	0.038	0.029	0.009	3.179	0.002
CU16	27.586	0.138	82.991	0.039	0.028	0.010	2.978	0.004
CU15	25.862	0.138	82.826	0.040	0.029	0.010	2.911	0.005
CU14	24.138	0.135	81.126	0.040	0.031	0.010	3.123	0.003
CU13	22.414	0.135	80.953	0.042	0.032	0.010	3.037	0.003
CU12	20.690	0.135	80.826	0.044	0.032	0.011	2.936	0.005
CU11	18.966	0.134	80.278	0.046	0.033	0.011	2.893	0.005
CU10	17.241	0.128	76.998	0.044	0.038	0.012	3.285	0.002

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2021249>

保护单元 Conservation units	抽样比例 Sampling ratio	平均数 Mean	保留率 Retention rate	标准差 SD	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	<i>t</i> 检验 <i>t</i> -test	显著度 <i>sig</i>
CU9	15.517	0.133	80.062	0.044	0.033	0.012	2.743	0.008
CU8	13.793	0.136	81.878	0.046	0.030	0.013	2.360	0.021
CU7	12.069	0.140	83.949	0.049	0.027	0.014	1.964	0.054
CU6	10.345	0.136	81.849	0.052	0.030	0.015	2.063	0.043
CU5	8.621	0.134	80.608	0.058	0.032	0.016	2.013	0.049
CU4	6.897	0.135	81.137	0.067	0.031	0.034	0.931	0.419
CU3	5.172	0.148	88.551	0.076	0.019	0.044	0.431	0.708
CU2	3.448	0.173	103.720	0.088	-0.006	0.063	- 0.099	0.937

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2021249>

附录4 胡杨核心保护单元与剩余群体期望杂合度(H_e) (A)、观测杂合度(H_o) (B)、Shannon's信息指数(I) (C)、多态信息含量(PIC) (D)的 t 检验

Appendix 4 The t -test of the expected heterozygosity (H_e), observed heterozygosity (H_o), Shannon's information index (I), polymorphism information content (PIC) between the conservation units and the rest populations of *Populus euphratica*

附录 4A 胡杨核心保护单元与剩余群体期望杂合度(H_e)的 t 检验

Appendix 4A The t -test of the expected heterozygosity (H_e) between the conservation units and the rest populations of *Populus euphratica*

保护单元-剩余群体 Conservation units - rest populations	保护单元(Mean \pm SD) Conservation units	剩余群体(Mean \pm SD) Rest populations	保留率 Retention rate	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	t 检验 t -test	显著度 sig
CU3-R55	0.188 \pm 0.092	0.209 \pm 0.035	90.024	-0.021	0.053	-0.393	0.732
CU4-R54	0.173 \pm 0.081	0.211 \pm 0.034	82.158	-0.038	0.041	-0.924	0.422
CU7-R51	0.177 \pm 0.058	0.212 \pm 0.034	83.469	-0.035	0.015	-2.329	0.023
CU33-R25	0.192 \pm 0.044	0.229 \pm 0.014	83.969	-0.037	0.008	-4.502	0.000
CU34-R24	0.194 \pm 0.044	0.228 \pm 0.014	84.983	-0.034	0.008	-4.228	0.000
CU35-R23	0.195 \pm 0.044	0.229 \pm 0.014	85.074	-0.034	0.008	-4.294	0.000
CU36-R22	0.196 \pm 0.044	0.228 \pm 0.013	85.990	-0.032	0.008	-4.046	0.000
CU37-R21	0.196 \pm 0.044	0.229 \pm 0.013	85.818	-0.032	0.008	-4.208	0.000
CU38-R20	0.198 \pm 0.044	0.228 \pm 0.013	86.566	-0.031	0.008	-4.005	0.000
CU39-R19	0.198 \pm 0.043	0.229 \pm 0.013	86.277	-0.031	0.007	-4.213	0.000
CU40-R18	0.199 \pm 0.043	0.229 \pm 0.013	86.645	-0.031	0.007	-4.127	0.000
CU41-R17	0.199 \pm 0.043	0.229 \pm 0.013	86.938	-0.03	0.007	-4.058	0.000
CU42-R16	0.200 \pm 0.042	0.229 \pm 0.014	87.200	-0.029	0.007	-3.987	0.000
CU43-R15	0.201 \pm 0.042	0.230 \pm 0.014	87.245	-0.029	0.007	-3.992	0.000
CU44-R14	0.201 \pm 0.041	0.232 \pm 0.013	86.601	-0.031	0.007	-4.375	0.000
CU45-R13	0.202 \pm 0.042	0.229 \pm 0.008	88.247	-0.027	0.007	-4.041	0.000
CU46-R12	0.203 \pm 0.042	0.229 \pm 0.008	88.451	-0.026	0.007	-3.995	0.000
CU47-R11	0.203 \pm 0.041	0.229 \pm 0.009	88.743	-0.026	0.007	-3.896	0.001
CU48-R10	0.204 \pm 0.041	0.228 \pm 0.008	89.709	-0.023	0.006	-3.622	0.001
CU49-R9	0.205 \pm 0.041	0.226 \pm 0.006	90.775	-0.021	0.006	-3.357	0.001
CU50-R8	0.205 \pm 0.041	0.226 \pm 0.006	90.660	-0.021	0.006	-3.445	0.002
CU51-R7	0.206 \pm 0.041	0.225 \pm 0.005	91.362	-0.019	0.006	-3.229	0.001
CU52-R6	0.206 \pm 0.040	0.227 \pm 0.004	90.969	-0.02	0.006	-3.485	0.001
CU53-R5	0.206 \pm 0.040	0.227 \pm 0.004	90.891	-0.021	0.006	-3.528	0.001
CU54-R4	0.207 \pm 0.040	0.227 \pm 0.005	90.902	-0.021	0.006	-3.459	0.002
CU55-R3	0.207 \pm 0.040	0.225 \pm 0.003	92.021	-0.018	0.006	-3.206	0.568
CU56-R2	0.208 \pm 0.039	0.224 \pm 0.002	92.784	-0.016	0.028	0.575	

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2021249>

附录 4B 胡杨核心保护单元与剩余群体观测杂合度(H_o)的 t 检验

Appendix 4B The t -test of the observed heterozygosity (H_o) between the conservation units and the rest populations of *Populus euphratica*

保护单元-剩余 群体 Conservation units- rest populations	保护单元(Mean \pm SD) Conservation units	剩余群体(Mean \pm SD) Rest populations	保留率 Retention rate	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	t 检验 t -test	显著度 sig
CU3-R55	0.256 \pm 0.021	0.238 \pm 0.016	107.530	0.018	0.010	1.885	0.065
CU4-R54	0.251 \pm 0.020	0.238 \pm 0.016	105.513	0.013	0.008	1.565	0.123
CU7-R51	0.248 \pm 0.015	0.238 \pm 0.016	104.039	0.010	0.007	1.468	0.148
CU33-R25	0.238 \pm 0.019	0.240 \pm 0.012	99.223	-0.002	0.004	-0.453	0.652
CU34-R24	0.239 \pm 0.019	0.240 \pm 0.012	99.683	-0.001	0.004	-0.186	0.853
CU35-R23	0.238 \pm 0.019	0.241 \pm 0.011	99.018	-0.002	0.004	-0.592	0.556
CU36-R22	0.238 \pm 0.019	0.241 \pm 0.011	99.126	-0.002	0.004	-0.528	0.599
CU37-R21	0.238 \pm 0.019	0.242 \pm 0.010	98.255	-0.004	0.004	-1.115	0.270
CU38-R20	0.238 \pm 0.019	0.241 \pm 0.009	98.824	-0.003	0.004	-0.764	0.448
CU39-R19	0.238 \pm 0.019	0.241 \pm 0.009	98.784	-0.003	0.004	-0.792	0.432
CU40-R18	0.239 \pm 0.019	0.241 \pm 0.009	99.090	-0.002	0.004	-0.593	0.555
CU41-R17	0.239 \pm 0.019	0.240 \pm 0.009	99.304	-0.002	0.004	-0.452	0.653
CU42-R16	0.239 \pm 0.018	0.241 \pm 0.010	99.206	-0.002	0.004	-0.511	0.612
CU43-R15	0.239 \pm 0.018	0.240 \pm 0.010	99.444	-0.001	0.004	-0.353	0.726
CU44-R14	0.238 \pm 0.018	0.242 \pm 0.008	98.638	-0.003	0.004	-0.930	0.357
CU45-R13	0.239 \pm 0.018	0.240 \pm 0.007	99.448	-0.001	0.003	-0.405	0.687
CU46-R12	0.239 \pm 0.018	0.240 \pm 0.007	99.558	-0.001	0.003	-0.320	0.750
CU47-R11	0.239 \pm 0.018	0.240 \pm 0.007	99.602	-0.001	0.003	-0.283	0.779
CU48-R10	0.239 \pm 0.018	0.240 \pm 0.007	99.511	-0.001	0.003	-0.338	0.737
CU49-R9	0.239 \pm 0.018	0.240 \pm 0.008	99.773	-0.001	0.006	-0.091	0.928
CU50-R8	0.239 \pm 0.017	0.239 \pm 0.008	99.990	0.000	0.006	-0.004	0.997
CU51-R7	0.239 \pm 0.017	0.240 \pm 0.008	99.582	-0.001	0.007	-0.150	0.881
CU52-R6	0.239 \pm 0.017	0.240 \pm 0.009	99.667	-0.001	0.007	-0.112	0.911
CU53-R5	0.239 \pm 0.017	0.240 \pm 0.010	99.434	-0.001	0.008	-0.176	0.861
CU54-R4	0.239 \pm 0.017	0.243 \pm 0.010	98.513	-0.004	0.009	-0.421	0.675
CU55-R3	0.239 \pm 0.017	0.239 \pm 0.010	100.008	0.000	0.010	0.002	0.999
CU56-R2	0.239 \pm 0.017	0.237 \pm 0.012	101.146	0.003	0.012	0.228	0.821

附录 4C 胡杨核心保护单元与剩余群体 Shannon's 信息指数(I)的 t 检验

Appendix 4C The t -test of the Shannon's information index (I) between the conservation units and the rest populations of *Populus euphratica*

保护单元-剩余 群体 Conservation units- rest populations	保护单元(Mean \pm SD) Conservation units	剩余群体(Mean \pm SD) Rest populations	保留率 Retention rate	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	t 检验 t -test	显著度 sig
CU3-R55	0.276 \pm 0.145	0.316 \pm 0.056	87.521	-0.039	0.084	-0.470	0.684
CU4-R54	0.253 \pm 0.127	0.318 \pm 0.053	79.463	-0.065	0.064	-1.022	0.380
CU7-R51	0.262 \pm 0.092	0.321 \pm 0.053	81.729	-0.059	0.024	-2.482	0.016
CU33-R25	0.288 \pm 0.069	0.348 \pm 0.023	82.821	-0.060	0.013	-4.682	0.000

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2021249>

保护单元-剩余群体 Conservation units-rest populations	保护单元(Mean ±SD) Conservation units	剩余群体(Mean ±SD) Rest populations	保留率 Retention rate	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	<i>t</i> 检验 <i>t</i> -test	显著度 <i>sig</i>
CU34–R24	0.291 ±0.069	0.346 ±0.022	83.897	-0.056	0.013	-4.390	0.000
CU35–R23	0.292 ±0.069	0.347 ±0.022	83.996	-0.056	0.012	-4.456	0.000
CU36–R22	0.294 ±0.069	0.346 ±0.022	85.023	-0.052	0.012	-4.178	0.000
CU37–R21	0.295 ±0.068	0.347 ±0.021	84.837	-0.053	0.012	-4.347	0.000
CU38–R20	0.297 ±0.068	0.346 ±0.021	85.649	-0.050	0.012	-4.128	0.000
CU39–R19	0.297 ±0.067	0.348 ±0.020	85.354	-0.051	0.012	-4.338	0.000
CU40–R18	0.298 ±0.067	0.348 ±0.021	85.643	-0.050	0.012	-4.286	0.000
CU41–R17	0.299 ±0.067	0.348 ±0.021	85.971	-0.049	0.012	-4.206	0.000
CU42–R16	0.301 ±0.066	0.348 ±0.022	86.366	-0.047	0.012	-4.087	0.000
CU43–R15	0.301 ±0.066	0.349 ±0.022	86.379	-0.048	0.012	-4.105	0.000
CU44–R14	0.301 ±0.065	0.352 ±0.020	85.702	-0.050	0.011	-4.503	0.000
CU45–R13	0.304 ±0.066	0.348 ±0.013	87.402	-0.044	0.011	-4.169	0.000
CU46–R12	0.305 ±0.066	0.348 ±0.014	87.516	-0.043	0.010	-4.163	0.000
CU47–R11	0.306 ±0.065	0.348 ±0.014	87.823	-0.042	0.010	-4.058	0.000
CU48–R10	0.307 ±0.065	0.346 ±0.013	88.709	-0.039	0.010	-3.791	0.000
CU49–R9	0.308 ±0.065	0.343 ±0.009	89.930	-0.035	0.010	-3.515	0.001
CU50–R8	0.309 ±0.065	0.344 ±0.009	89.758	-0.035	0.010	-3.630	0.001
CU51–R7	0.310 ±0.064	0.342 ±0.008	90.577	-0.032	0.009	-3.397	0.001
CU52–R6	0.310 ±0.064	0.344 ±0.006	90.116	-0.034	0.009	-3.710	0.000
CU53–R5	0.311 ±0.063	0.344 ±0.007	90.328	-0.033	0.009	-3.619	0.001
CU54–R4	0.311 ±0.063	0.345 ±0.007	90.208	-0.034	0.009	-3.639	0.001
CU55–R3	0.312 ±0.062	0.342 ±0.004	91.274	-0.030	0.009	-3.393	0.001
CU56–R2	0.313 ±0.062	0.339 ±0.001	92.119	-0.027	0.044	-0.604	0.548

附录 4D 胡杨核心保护单元与剩余群体多态信息含量(PIC)的 *t* 检验

Appendix 4D The *t*-test of the polymorphism information content (PIC) between the conservation units and the rest populations of *Populus euphratica*

保护单元-剩余群体 Conservation units-rest populations	保护单元 Mean ± SD Conservation units	剩余群体 Mean ± SD Rest populations	保留率 Retention rate	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	<i>t</i> 检验 <i>t</i> -test	显著度 <i>sig</i>
CU3–R55	0.148 ±0.076	0.168 ±0.029	88.002	-0.020	0.044	-0.455	0.693
CU4–R54	0.135 ±0.067	0.169 ±0.028	80.019	-0.034	0.034	-1.001	0.389
CU7–R51	0.140 ±0.049	0.170 ±0.028	82.139	-0.030	0.012	-2.450	0.017
CU33–R25	0.153 ±0.036	0.184 ±0.012	83.301	-0.031	0.007	-4.568	0.000
CU34–R24	0.155 ±0.037	0.183 ±0.011	84.348	-0.029	0.007	-4.289	0.000
CU35–R23	0.155 ±0.036	0.184 ±0.011	84.443	-0.029	0.007	-4.355	0.000
CU36–R22	0.157 ±0.036	0.183 ±0.011	85.416	-0.027	0.007	-4.096	0.000
CU37–R21	0.157 ±0.036	0.184 ±0.011	85.229	-0.027	0.006	-4.265	0.000
CU38–R20	0.158 ±0.036	0.183 ±0.011	86.023	-0.026	0.006	-4.052	0.000

陈向向, 盖中帅, 翟军团, 徐劲东, 焦培培, 吴智华, 李志军 (2021) 中国西北地区天然胡杨群体遗传多样性及核心保护单元的构建. 生物多样性, 29, 1638–1649.
<http://www.biodiversity-science.net/CN/10.17520/biods.2021249>

保护单元-剩余群体 Conservation units-rest populations	保护单元 Mean \pm SD Conservation units	剩余群体 Mean \pm SD Rest populations	保留率 Retention rate	差值均值 Difference of mean	差值标准差 Difference of SD	<i>t</i> 检验 <i>t</i> -test	显著度 <i>sig</i>
CU39-R19	0.158 \pm 0.036	0.184 \pm 0.010	85.734	-0.026	0.006	-4.259	0.000
CU40-R18	0.159 \pm 0.035	0.184 \pm 0.011	86.047	-0.026	0.006	-4.198	0.000
CU41-R17	0.159 \pm 0.035	0.184 \pm 0.011	86.362	-0.025	0.006	-4.123	0.000
CU42-R16	0.160 \pm 0.035	0.184 \pm 0.011	86.731	-0.024	0.006	-4.016	0.000
CU43-R15	0.160 \pm 0.035	0.185 \pm 0.012	86.742	-0.025	0.006	-4.036	0.000
CU44-R14	0.160 \pm 0.034	0.186 \pm 0.010	86.086	-0.026	0.006	-4.421	0.000
CU45-R13	0.162 \pm 0.035	0.184 \pm 0.007	87.772	-0.023	0.006	-4.089	0.000
CU46-R12	0.162 \pm 0.035	0.184 \pm 0.007	87.933	-0.022	0.005	-4.064	0.000
CU47-R11	0.163 \pm 0.034	0.184 \pm 0.007	88.251	-0.022	0.005	-3.959	0.000
CU48-R10	0.163 \pm 0.034	0.183 \pm 0.007	89.179	-0.020	0.005	-3.691	0.001
CU49-R9	0.164 \pm 0.034	0.181 \pm 0.005	90.323	-0.018	0.005	-3.423	0.001
CU50-R8	0.164 \pm 0.034	0.182 \pm 0.005	90.186	-0.018	0.005	-3.525	0.001
CU51-R7	0.165 \pm 0.034	0.181 \pm 0.004	90.923	-0.016	0.005	-3.308	0.002
CU52-R6	0.165 \pm 0.033	0.182 \pm 0.003	90.501	-0.017	0.005	-3.590	0.001
CU53-R5	0.165 \pm 0.033	0.182 \pm 0.003	90.569	-0.017	0.005	-3.564	0.001
CU54-R4	0.165 \pm 0.033	0.183 \pm 0.004	90.487	-0.017	0.005	-3.563	0.001
CU55-R3	0.166 \pm 0.033	0.181 \pm 0.002	91.585	-0.015	0.005	-3.335	0.002
CU56-R2	0.166 \pm 0.033	0.180 \pm 0.001	92.282	-0.014	0.023	-0.598	0.553