

## 基于 EST-SSR 标记的栀子品种亲缘关系分析及指纹图谱构建

邓绍勇<sup>1,2</sup>, 祝必琴<sup>3</sup>, 李康琴<sup>1,2</sup>, 陈宜均<sup>1,2</sup>, 朱培林<sup>1,2</sup>, 王贤荣<sup>4</sup>, 李婷<sup>1,2</sup>, 唐山<sup>1</sup>

1. 江西省林业科学院, 江西 南昌 330032
2. 国家林业草原栀子工程技术研究中心, 江西 南昌 330032
3. 江西省森林资源保护中心, 江西 南昌 330038
4. 南京林业大学生物与环境学院, 江苏 南京 210037

**摘要:** **目的** 使通过分子标记手段鉴定栀子 *Gardenia jasminoides* 品种成为现实, 满足苗期鉴别栀子品种资源的需要。**方法** 采用 14 对多态性较好的转录组微卫星 (EST-SSR) 引物对栀子及 10 个品种进行扩增检测, 分析其遗传多样性和遗传距离等参数, 并进行系统聚类。**结果** 14 对 EST-SSR 引物共检测到 62 个等位基因, 平均每个位点扩增出 4.4 条, 栀子品种 Nei 多样性指数 ( $H$ ) 和 Shannon 指数 ( $I$ ) 分别为 0.653 3 和 1.226 8, 表现出较高的遗传多样性水平。同一品种的不同样品能较好地聚集在一起, 但品种之间并未完全按形态学性状聚类分支。构建的指纹图谱通过引物及引物组合能较好地将栀子品种进行区分。**结论** 利用 14 对 EST-SSR 引物成功地构建了 10 个栀子品种的指纹图谱, 研究结果可为栀子品种鉴定、亲缘关系及品种起源提供科学依据。

**关键词:** 栀子; EST-SSR; 指纹图谱; 遗传多样性; 亲缘关系

中图分类号: R286.2 文献标志码: A 文章编号: 0253-2670(2022)09-2795-08

DOI: 10.7501/j.issn.0253-2670.2022.09.023

## Genetic relationship analysis and fingerprint construction of *Gardenia jasminoides* cultivars based on EST-SSR markers

DENG Shao-yong<sup>1, 2</sup>, ZHU Bi-qin<sup>3</sup>, LI Kang-qin<sup>1, 2</sup>, CHEN Yi-jun<sup>1, 2</sup>, ZHU Pei-lin<sup>1, 2</sup>, WANG Xian-rong<sup>4</sup>, LI Ting<sup>1, 2</sup>, TANG Shan<sup>1</sup>

1. Forest Academy of Jiangxi Province, Nanchang 330032, China
2. Engineering Research Center for Gardenia of National Forestry and Grassland Administration, Nanchang 330032, China
3. Jiangxi Forest Resources Protection Center, Nanchang 330038, China
4. College of Biology and the Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China

**Abstract: Objective** To identify *Gardenia jasminoides* cultivars by molecular markers, and meet the needs of identifying *G. jasminoides* cultivars resources at seedling stage. **Methods** Fourteen pairs of EST-SSR primers with good polymorphism were used to amplify 10 *G. jasminoides* cultivars. The parameters of genetic diversity and genetic distance were analyzed, and the cluster analysis was carried out. **Results** A total of 62 alleles were detected by 14 pairs of EST-SSR primers, with an average of 4.4 alleles per locus. The Nei diversity index ( $H$ ) and Shannon index ( $I$ ) of *G. jasminoides* cultivars were 0.6533 and 1.2268, showing a high level of genetic diversity. Different samples of the same cultivars could gather together well, but the cultivars did not cluster according to morphological characters. The constructed fingerprints can be used to distinguish *G. jasminoides* cultivars by primers and primer combinations. **Conclusion** Using 14 pairs of EST-SSR primers, the fingerprints of 10 *Gardenia* cultivars were successfully constructed. The results can provide scientific basis for the identification, genetic relationship and origin of *G. jasminoides* cultivars.

**Key words:** *Gardenia jasminoides* Ellis; EST-SSR; fingerprint; genetic diversity; genetic relationship

收稿日期: 2021-10-09

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (32060356); 国家自然科学基金资助项目 (31760220); 中央财政林业科技推广示范项目 (JXTG[2022]12号); 江西省重点研发计划项目 (20203BBF63024)

作者简介: 邓绍勇 (1982-), 男, 博士, 副研究员, 主要研究方向为药用植物资源开发与利用。Tel: (0791)83833641 E-mail: jxforestry@163.com

栀子 *Gardenia jasminoides* Ellis 为茜草科栀子属常绿灌木，其花洁白如雪、香如凝脂，是我国著名的八大香花之一<sup>[1]</sup>，栀子果实还是大宗的中药材原料，入药具有泻火除烦、清热利湿、凉血散瘀的功效，现代药理研究发现栀子具有保肝、抗炎、镇痛及改善心脑血管病等方面的作用<sup>[2]</sup>。栀子在长期的栽培利用过程中，使其习性、花、叶的形状及大小、果实的形状及大小等均发生了丰富的变异，在色素用、药用和观赏等不同利用方向都形成了稳定的变异类型<sup>[3-4]</sup>，国内外一些研究者命名了不同的变种或变型<sup>[5-6]</sup>，也有前人对栀子品种进行了系统的分类整理<sup>[7]</sup>，并从数量分类视角对栀子栽培品种与近缘种亲缘关系进行了探讨<sup>[8]</sup>。为规避环境因子和人为主观意识等的干扰，有研究者采用分子标记法对栀子不同栽培类型进行鉴别以及研究它们之间的亲缘关系，杨锐培<sup>[9]</sup>采用 RAPD 标记分析了江西樟树栀子基地形态上区别明显的 14 个栀子样品，发现分子聚类结果和表型聚类结果类似；韩建萍等<sup>[10]</sup>采用 AFLP 标记分析了江西 5 个不同产地栀子的亲缘关系，发现各地方样品间遗传变异明显，且样品间遗传距离和地理距离相关性明显。葛菲等<sup>[11-12]</sup>采用 RAPD 标记分析了栀子与雀舌栀子、重瓣栀子及水栀子间的亲缘关系，结果显示重瓣栀子与栀子遗传距离最近，雀舌栀子与栀子遗传距离最远。鲁耀邦等<sup>[13]</sup>采用 RAPD 标记分析了栀子与水栀子，野生栀子与栽培栀子间的 DNA 多态性。

SSR 分子标记是以扩增片段的长度变异作为多态性的共显性分子标记。由于微卫星序列重复的长度及数目变化极其丰富，而使这种多态性检测方法极为有效，目前已广泛用于植物各水平遗传多样性、分子系统学、品种和纯度鉴定、基因定位、遗传图谱构建、比较基因组学等各方面研究中。在对植物种下等级亲缘关系、种质鉴定研究中，相对其它分子标记表现出明显的优越性<sup>[14-16]</sup>。本实验对栀子常见主栽品种构建了转录组微卫星分子标记 (transcriptome microsatellite markers, EST-SSR) 指纹图谱，以遗传距离矩阵为分析对象，按不加权成组配对法 (UPGMA) 进行聚类分析，建立栀子品种间的亲缘关系树状图。系统探讨栀子栽培品种遗传距离和亲缘关系，以期对栀子品种鉴定、亲缘关系及品种起源提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

实验材料为 10 个栀子品种<sup>[7]</sup>和 1 个栀子栽培原种共 39 份，每个品种 1~5 份样本。所有实验材料由江西省林业科学院邓绍勇副研究员鉴定为栀子 *G. jasminoides* Ellis 及其不同的品种类型，采集新鲜幼嫩叶片放入自封袋内，随即加入变色硅胶并摇匀 (变色硅胶与样品质量比约为 10:1)，封好袋后于常温干燥处保存。根据硅胶变色情况及时加换硅胶。样品来源等基本情况详见表 1。

表 1 栀子品种取样材料

Table 1 Information on ten cultivars of *G. jasminoides*

编号	品种名称	品种来源地	编号	品种名称	品种来源地
1	宽棱水栀 1	江西省樟树市吴城药材基地种植	21	金福水栀 1	湖北省宜昌市金福村栽培
2	荷花栀子 1	广东省广州市园林栽培	22	金福水栀 2	湖北省宜昌市金福村栽培
3	荷花栀子 2	广东省广州市园林栽培	23	金福水栀 3	湖北省宜昌市金福村栽培
4	荷花栀子 3	广东省广州市园林栽培	24	太湖山栀 1	安徽省潜山太湖
5	荷花栀子 4	广东省广州市园林栽培	25	太湖山栀 2	安徽省潜山太湖
6	荷花栀子 5	广东省广州市园林栽培	26	山栀子 1	江西省永丰县瑶里
7	大花栀子 1	重庆市	27	山栀子 2	江西省永丰县瑶里
8	大花栀子 2	重庆市	28	山栀子 3	江西省永丰县瑶里
9	大花栀子 3	重庆市	29	山栀子 4	江西省永丰县瑶里
10	小白蟾 1	广东省东莞市园林栽培	30	山栀子 5	江西省永丰县瑶里
11	小白蟾 2	广东省东莞市园林栽培	31	球果栀子 1	江西省樟树市隍城栀子 GAP 药材基地种植
12	小白蟾 3	广东省东莞市园林栽培	32	球果栀子 2	江西省樟树市隍城栀子 GAP 药材基地种植
13	雀舌栀子 1	湖北省武汉市园林栽培	33	白蟾 1	江西省南昌市园林栽培
14	雀舌栀子 1	江西省南昌市园林栽培	34	白蟾 2	江西省南昌市园林栽培
15	雀舌栀子 2	江西省南昌市园林栽培	35	白蟾 3	江西省南昌市园林栽培
16	雀舌栀子 3	江西省南昌市园林栽培	36	小白蟾 A1	广东省东莞市园林栽培
17	水栀子 1	江西省樟树市吴城药材基地种植	37	小白蟾 A2	广东省东莞市园林栽培
18	水栀子 2	江西省樟树市吴城药材基地种植	38	小白蟾 B1	广东省东莞市园林栽培
19	水栀子 3	江西省樟树市吴城药材基地种植	39	小白蟾 B2	广东省东莞市园林栽培
20	水栀子 4	江西省樟树市吴城药材基地种植			

## 1.2 方法

采用改进的 CTAB 裂解-硅珠吸附法从变色硅胶保存的叶片中提取总基因组 DNA，从 25 对茄子 EST-SSR 多态引物<sup>[17]</sup>中筛选出 14 对适用于茄子品种扩增的多态引物(表 2)，所有的 PCR 扩增反应程序由 Eppendorf 5331 梯度 PCR 扩增仪 (Eppendorf, Hamburg, Germany) 执行。反应体系为：10 μL 中含 1.5 μL 模板 DNA (50 ng/μL)，1 μL 10×Buffer (Mg<sup>2+</sup> free)，0.6 μL MgCl<sub>2</sub> (25 mmol/L)，0.8 μL dNTPs

(10 mmol/L)，0.3 μL F-primer (10 μmol/L)，0.3 μL R-primer (10 μmol/L)，0.1 μL Taq 酶 (5 U/μL) (TaKaRa Bio Inc., Otsu, Shiga 公司, 日本)，5.4 μL ddH<sub>2</sub>O；反应程序为：94 °C 预变性 3 min；94 °C 变性 30 s，63 °C 退火 30 s (每循环降低 1 °C)，72 °C 延伸 30 s，共 15 个循环；94 °C 变性 30 s，57 °C 退火 30 s，72 °C 延伸 30 s，共 15 个循环；72 °C 延伸 10 min；10 °C 保持。PCR 扩增产物用 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳检测，采用银染技术显带。

表 2 14 对茄子 EST-SSR 引物

Table 2 Fourteen pairs of EST-SSR primers for amplifying microsatellite loci of *G. jasminoides*

位点	引物序列 (5'→3')	重复单元	片段大小/bp	退火温度/°C	GenBank 登记号
eGJ004	F: TCACCTCAGCAGCCTACTCT R: AGAGAGAAGTGGGCACGTTG	(CCAAA) <sub>5</sub>	199	60	KM279432
eGJ006	F: CATGCCGCCGTGATTGATT R: GCCCCTTCTAGCCAATGTGT	(AATAG) <sub>5</sub>	168	60	KM279433
eGJ011	F: CTCCTGGGCAAGACTTTGGT R: GCGGTGGATCGGTGTCTTAA	(TTGCC) <sub>5</sub>	221	60	KM279435
eGJ015	F: CCAAACCAACCGCTCAACAG R: ATGCCGTGTGTTGAGTGAGT	(ACTC) <sub>6</sub>	127	60	KM279436
eGJ019	F: GAAGGGGTGGCTCCAATTCA R: ACTTGGTCCGCTGGATAACG	(GCTG) <sub>5</sub>	277	60	KM279437
eGJ026	F: GTCACTGTGGCTGCCATTTG R: AGAGCAACGCCACGTATCAA	(GCT) <sub>7</sub>	164	60	KM279438
eGJ041	F: CTCCCACACACACGGAAGA R: GCTCAGTGGTGGAGAAGAGG	(GA) <sub>11</sub>	197	60	KM279441
eGJ087	F: GCACCAGTTACTTGGTCTCCA R: GAGGGGTTTGCACGTCTGTA	(TCC) <sub>6</sub>	191	60	KM279445
eGJ091	F: CCCCCACATTCGGCATTTC R: TCAGTGATTCGTTGGACCCG	(TCA) <sub>7</sub>	142	60	KM279446
eGJ098	F: GTGGTTCCGGCTAGTCAGTC R: ACCTGCCATCGGATAAAGCC	(GGA) <sub>6</sub>	105	60	KM279447
eGJ123	F: GAATGCTGTTCCAAAGCTGCA R: CTTTGTGGTTCCGTGGCAAG	(GA) <sub>9</sub>	183	60	KM279451
eGJ134	F: AAACAGACCAGGCATGAGCA R: AAGTGGCACCGTCTGATGAG	(CA) <sub>9</sub>	175	60	KM279454
eGJ144	F: TGAGCTGATGCACTCACAGA R: CCTGGACCTGGAGAAAGACG	(AG) <sub>9</sub>	222	59	KM279455
eGJ145	F: CCCCTTGGTCTAGAGGTGGA R: TTAGCCTACGAGGAATGGCG	(AG) <sub>9</sub>	202	60	KM279456

### 1.3 数据分析方法

采用多人判读比对方式对胶图数据进行判读,按条带长度大小从大到小用 A、B、C、D、E...进行编号,读带结果如 AB、BC 等,若某一个样本只有一条带,读带结果则为 AA、BB 等。同时统计各位点条带的片段大小,方便数据数值转换,条带分析完毕之后把所有的结果根据软件格式要求输入相应软件进行实验的数据处理与统计分析。利用 POPGEN32 软件<sup>[18]</sup>计算观察等位基因平均数( $N_a$ )、有效等位基因数目( $N_e$ )、观察杂合度( $H_o$ )、期望杂合度( $H_e$ )、Shannon 多样性指数(Nei's genetic identity,  $I$ )、Nei 多样性指数( $N_{ei}$ )以及遗传距离(genetic distance,  $D$ )。采用 NTSYS-pc 2.10e 软件<sup>[19]</sup>的 UPGMA 法利用  $N_{ei}$  遗传距离

(1978) 构建系统聚类图。

## 2 结果与分析

### 2.1 栀子品种遗传多样性分析

14 对栀子 EST-SSR 引物均在供试栀子品种样品中得到了较好的多态扩增,所用引物信息详见表 2。10 个栀子品种和 1 个栀子栽培原种共 39 份材料,14 对 EST-SSR 引物共检测到 62 个等位基因,每个位点实际扩增  $N_a$  2~8 个,引物 eGJ15 扩增等位基因最多为 8 个,平均为 4.43;  $N_e$  为 1.52~5.69,  $N_e$  为 3.24。39 个品种样品的  $I$  为 1.23,  $N_{ei}$  为 0.65, 观测杂合度 ( $Obs\_Het$ ) 变化范围为 0.15~0.85, 平均为 0.51; 期望杂合度 ( $Exp\_Het$ ) 变化范围为 0.35~0.83, 平均为 0.66 (表 3), 结果显示栀子品种有着较高的遗传多样性水平。

表 3 栀子品种 14 个 SSR 位点的遗传多样性

Table 3 Genetic diversity of 14 SSR loci within cultivars of *G. jasminoides*

基因	样本数	$N_a$	$N_e$	$I$	$Obs\_Het$	$Exp\_Het$	$N_{ei}$	$Ave\_Het$
eGJ4	68	4	2.321 3	0.974 7	0.617 6	0.577 7	0.569 2	0.269 2
eGJ6	74	5	3.631 3	1.430 5	0.459 5	0.734 5	0.724 6	0.217 9
eGJ11	66	3	2.535 5	1.004 7	0.303 0	0.614 9	0.605 6	0.128 2
eGJ15	78	8	5.686 0	1.856 8	0.256 4	0.834 8	0.824 1	0.128 2
eGJ19	78	7	3.992 1	1.548 7	0.717 9	0.759 2	0.749 5	0.359 0
eGJ26	78	2	1.517 2	0.524 3	0.230 8	0.345 3	0.340 9	0.115 4
eGJ41	78	4	2.165 1	0.973 5	0.410 3	0.545 1	0.538 1	0.205 1
eGJ87	78	3	2.169 8	0.911 1	0.153 8	0.546 1	0.539 1	0.076 9
eGJ91	78	5	4.127 5	1.486 9	0.769 2	0.767 6	0.757 7	0.384 6
eGJ98	78	4	2.433 6	1.020 5	0.282 1	0.596 7	0.589 1	0.141 0
eGJ123	68	4	3.184 6	1.245 0	0.852 9	0.696 2	0.686 0	0.371 8
eGJ134	78	5	4.167 1	1.502 6	0.794 9	0.769 9	0.760 0	0.397 4
eGJ144	74	4	3.840 1	1.363 5	0.756 8	0.749 7	0.739 6	0.359 0
eGJ145	74	4	3.612 1	1.332 2	0.567 6	0.733 1	0.723 2	0.269 2
平均值	75	4.4286	3.241 7	1.226 8	0.512 3	0.662 2	0.653 3	0.244 5
方差		1.5549	1.113 2	0.342 9	0.242 0	0.130 8	0.129 1	0.114 8

引物 eGJ19、eGJ26、eGJ134 对栀子 39 份品种样品的 PCR 扩增电泳检测结果见图 1。

### 2.2 栀子品种间遗传关系分析

样品间的遗传距离在-0.118~2.859, 平均为 0.761; 相似系数在 0.057~1.125, 平均为 0.497 (表 4), 大花栀子和山栀子间遗传距离最大。以遗传距离矩阵为分析对象, 利用 NTSYS-pc 2.1 软件按 UPGMA 法进行聚类分析, 建立 10 个栀子品种和 1 个栀子栽培原种共 39 份材料间的亲缘关系

树状图 (图 2)。从聚类结果来看, 除栽培栀子即山栀子 5 个样本、金福水栀 3 个样本及大花栀子未完全聚集在一起, 尤其是金福水栀 3 个样本聚类较为分散, 其他 8 个品种各样本均聚集在一起。其中宽棱水栀显示和其他品种亲缘关系最远, 荷花栀子显示和太湖山栀、白蟾亲缘关系较近, 球果栀子显示和山栀子亲缘关系较近, 小白蟾显示和水栀子亲缘关系较近, 大花栀子、雀舌栀子聚类显示则较为独立。



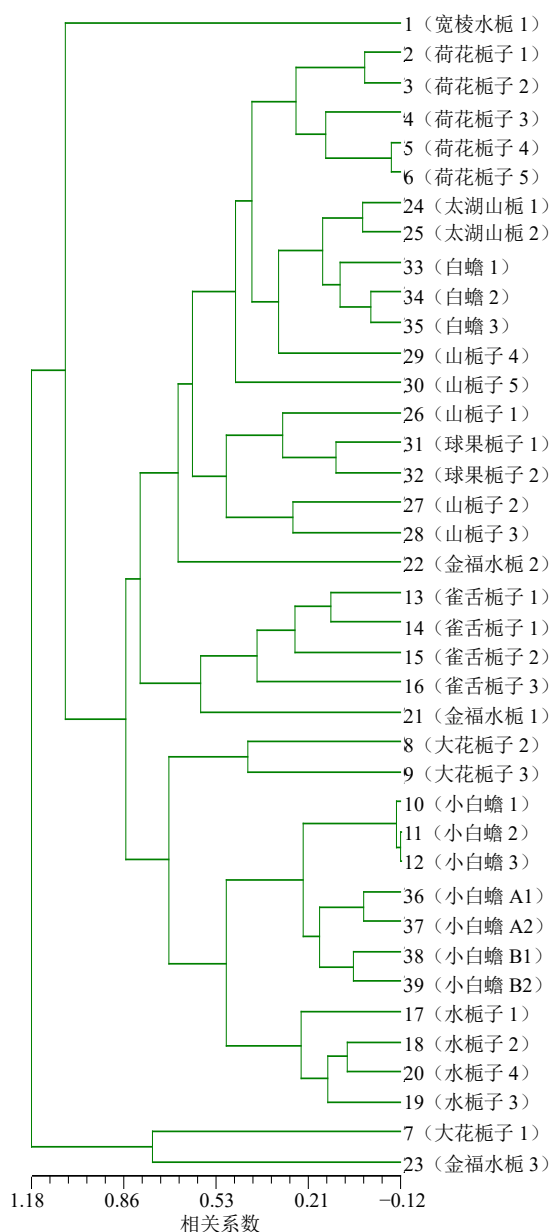


图 2 10 个梔子品种聚类图

Fig. 2 Dendrogram of ten cultivars of *G. jasminoides*

### 2.3 梔子品种 SSR 指纹图谱构建

根据多态引物扩增的电泳结果, 采用在相同迁移率位置上有带记为“1”, 无带记为“0”的读带方法, 以 14 个 SSR 标记构建梔子 10 个品种的指纹图谱 (表 5), 由表 5 可见, 引物 eGJ15 和 eGJ19 多态性最为丰富, 它们组合一起基本可以把 10 个梔子品种区分开, 其他引物通过 3 个或 3 个以上组合一起也可以完成对梔子所有品种的区别。

### 3 讨论

梔子在观赏栽培和果用栽培方面都保留有丰富的品种资源<sup>[7]</sup>, 对梔子品种进行科学规范的分

理, 研究掌握梔子品种遗传多样性和遗传关系, 明晰主栽梔子品种起源和系统进化关系, 可以为梔子品种鉴定和梔子种质资源创制提供科学依据。本实验采用 14 对梔子 EST-SSR 引物对 10 个梔子品种和 1 个梔子栽培原种共 39 份材料进行扩增, 共检测到 62 个等位基因, 39 个品种样品的  $I$  为 1.23,  $N_{ei}$  为 0.65, 高于同样栽培历史悠久的观赏海棠<sup>[16]</sup>和油茶<sup>[15]</sup>等木本植物, 体现出梔子品种具有丰富的遗传多样性。在对梔子品种遗传距离研究方面, 葛菲等<sup>[11-12]</sup>采用 RAPD 标记分析显示重瓣梔子 (白蟾) 与梔子遗传距离最近, 雀舌梔子与梔子遗传距离最远, 本研究结论也显示山梔子与白蟾遗传距离相对山梔子与雀舌梔子遗传距离要更近, 且大花梔子和山梔子间遗传距离最大。

杨锐培<sup>[9]</sup>采用 RAPD 标记分析了江西樟树吴城乡康成梔子基地形态上区别明显的 14 个梔子样品, 14 个样品明显区分成 2 组, 发现分子聚类结果和表型聚类结果类似。以叶、花、果形态学性状为数据基础的数量分类视角对梔子品种进行聚类时, 基本按色素用、药用和观赏用形成聚集分支<sup>[8]</sup>。而采用 EST-SSR 分子标记的梔子品种聚类并没有得出类似的结果, 但除了山梔子 5 个样本、金福水梔 3 个样本及大花梔子未完全聚集在一起, 尤其是金福水梔 3 个样本聚类较为分散, 其他 8 个品种各样本均聚集在一起。其中宽棱水梔显示和其他品种亲缘关系最远, 荷花梔子显示和太湖山梔、白蟾亲缘关系较近, 球果梔子显示和山梔子亲缘关系较近, 小白蟾显示和水梔子亲缘关系较近, 大花梔子、雀舌梔子聚类显示则较为独立。

植物品种鉴定的可靠性受到多种情况的影响, 如通过表型鉴定往往受鉴定者经验、材料完整程度、季节及材料特性等影响, 而通过 DNA 指纹识别来完成品种鉴定可以克服上述一些因素的影响。采用 SSR 标记构建植物品种指纹具备多态性高、带型清晰、稳定性和重复性好、操作简单、成本低等优点。文雁成等<sup>[20]</sup>通过比较研究认为 SSR 标记比 SRAP 标记更适合以引物组合法构建品种指纹图谱。因此, SSR 标记构建的指纹图谱可作为梔子品种间区别的有力参考。本研究根据多态引物扩增的电泳结果, 以 14 个 SSR 标记构建梔子 10 个品种的指纹图谱, 通过引物指纹的两两组合, 或者多个引物指纹的组合, 可以达到区分品种的目前, 其中引物 eGJ15 和 eGJ19 多态性最为丰富, 它们组合

表 5 10 个栀子品种 14 个 SSR 标记的指纹图谱  
Table 5 Fourteen SSR fingerprints of ten cultivars of *G. jasminoides*

编号	品种中名	标记代码													
		eGJ4	eGJ6	eGJ11	eGJ15	eGJ19	eGJ26	eGJ41	eGJ87	eGJ91	eGJ98	eGJ123	eGJ134	eGJ144	eGJ145
1	宽棱水栀 1	0001	00001	001	01000000	0000100	01	0100	001	00110	0001	0001	10010	0001	1001
2	荷花栀子 1	0011	01000	010	00001000	0011000	10	0100	001	00110	0001	1001	01010	1010	0110
3	荷花栀子 2	0011	01000	010	00010000	0011000	10	0100	001	00110	0001	1001	10010	1010	0110
4	荷花栀子 3	0011	01000	010	01000000	0011000	10	0100	010	01000	0100	1001	10010	1010	0110
5	荷花栀子 4	0011	01000	010	00010100	0011000	10	0100	001	01000	0100	1001	01001	1010	0110
6	荷花栀子 5	0011	01000	010	00000100	0011000	10	0100	001	01000	0100	1001	01001	1010	0110
7	大花栀子 1	0011	10100	010	00001000	0000001	01	0100	100	10000	0100	0100	00001	0001	1001
8	大花栀子 2	0110	01000	010	00100000	0001001	10	0001	010	01000	0100	0101	00010	0001	0101
9	大花栀子 3	0011	00100	100	00100000	0001001	10	0110	010	01010	0100	1100	00010	1100	0011
10	小白蟾 1	0011	00010	101	00100010	0010100	11	0100	010	10100	0100	0101	10100	0101	0001
11	小白蟾 2	0011	00010	101	10000010	0010100	11	0110	010	10100	0100	0101	10100	0110	0001
12	小白蟾 3	0011	00010	101	01000001	0010100	11	0110	010	10100	0100	0101	10100	0101	0001
13	雀舌栀子 1	0010	01100	100	01000010	0101000	10	0100	001	00101	0100	0101	01010	0010	1010
14	雀舌栀子 1	0010	01100	100	00001000	0101000	10	0100	001	00101	0001	0101	01010	0010	0101
15	雀舌栀子 2	0010	01100	100	00000010	0101000	10	0100	001	00101	0010	0101	01010	0001	0101
16	雀舌栀子 3	0001	00100	100	00000001	0001000	10	0100	001	00100	0101	0101	01010	0001	0101
17	水栀子 1	0010	10001	101	00100010	0001010	10	1100	010	11000	0101	0101	10000	1001	0001
18	水栀子 2	0011	10001	101	00100000	0000101	10	0100	010	11000	0101	0101	11000	1001	0001
19	水栀子 3	0010	10001	101	00100000	0000101	10	1100	100	11000	0001	0101	11000	1001	0001
20	水栀子 4	0010	10001	101	00100000	0000100	10	1100	010	11000	1001	0101	01000	1001	0001
21	金福水栀 1	0010	00001	100	00100000	0001000	10	1000	001	10100	0010	0001	01000	0010	1010
22	金福水栀 2	0100	01010	100	00010000	1001000	10	0100	010	00110	0011	1100	01001	0100	1000
23	金福水栀 3	1100	10100	010	00000100	0011000	01	0110	010	10100	0011	0011	00001	0100	0110
24	太湖山栀 1	0011	01100	010	00001100	0101000	10	1100	010	00110	0001	1001	01010	1010	0010
25	太湖山栀 2	0011	01000	010	00000100	0101000	10	1000	010	00110	0001	1001	01010	1010	1100
26	山栀子 1	1010	01010	010	00010000	0001000	10	1010	110	00101	0001	1001	01010	1100	0110
27	山栀子 2	1010	01010	010	00010000	0010000	01	1010	010	00110	0001	1001	01010	1100	0110
28	山栀子 3	1010	01010	010	00010000	0010000	10	1000	010	00110	0001	1001	11000	1010	0001
29	山栀子 4	0011	01010	010	00001000	0110000	10	0100	010	01010	0001	1001	11000	1100	1010
30	山栀子 5	0010	01000	010	00100001	0010000	10	0100	110	00110	0001	0100	01000	1010	0100
31	球果栀子 1	1010	00110	100	00010100	0001000	11	1010	010	01000	0001	0001	11000	1010	0100
32	球果栀子 2	1010	01001	110	00010000	0001000	11	0110	010	01000	0001	0101	10010	1001	0100
33	白蟾 1	0011	01000	100	00001100	0011000	10	1000	010	01010	0001	1001	01010	1010	1100
34	白蟾 2	0011	01000	100	00000100	0011000	10	0100	010	00110	0001	1001	10100	1010	1100
35	白蟾 3	0011	01100	100	00000100	0101000	10	0100	010	00110	0011	1001	01010	1010	1100
36	小白蟾 A1	0011	00010	100	00100000	0010100	11	1100	110	10100	0011	0110	10100	0101	0010
37	小白蟾 A2	0001	00010	101	00100000	0010100	11	0110	110	10100	0011	0110	10100	0101	0001
38	小白蟾 B1	0001	00010	101	00010000	0010100	11	1100	110	01000	0011	0110	10100	0101	0001
39	小白蟾 B2	0001	01100	101	00010000	0010100	11	1100	110	10100	0011	0110	10100	0101	0001

一起基本可以把 10 个栀子品种区分开,使采用分子手段鉴定栀子品种成为现实。

**利益冲突** 所有作者均声明不存在利益冲突

#### 参考文献

- [1] 俞香顺,周茜. 中国栀子审美文化探析 [J]. 北京林业大学学报: 社会科学版, 2010, 9(1): 6-12.
- [2] 李晓雅,吴敏,王松子,等. 中药栀子有效成分栀子苷的心血管系统药理作用研究 [J]. 中国中西医结合杂志, 2022, 42(3): 373-378.
- [3] 曹岚,刘德文,戴泽霞. 江西省栀子种质资源现状调查与分析 [J]. 时珍国医国药, 2008, 19(2): 288-290.
- [4] 周昌华,张兴翠,罗健,等. 山栀子品种资源的综合评价 [J]. 中国中药杂志, 1998, 23(3): 141-141, 188.
- [5] 谢宗万. 水栀子的品种考证及品质评价刍议 [J]. 中药材, 1991, 14(7): 45-47.
- [6] 郑朝宗. 浙江植物志 (第六卷) [M]. 杭州: 浙江科学技术出版社, 1993: 236.
- [7] 邓绍勇,朱培林,王贤荣. 栀子品种分类研究 [J]. 南方林业科学, 2018, 46(1): 13-18.
- [8] 邓绍勇,杨欢,朱培林,等. 栀子栽培品种与近缘种的数量分类 [J]. 江西农业大学学报, 2020, 42(1): 92-100.
- [9] 杨锐培. 基地栀子优良种质的筛选与高产栽培技术研究 [D]. 广州: 广州中医药大学, 2014.
- [10] 韩建萍,陈士林,张文生,等. 栀子道地性的分子生态学 [J]. 应用生态学报, 2006, 17(12): 2385-2388.
- [11] 葛菲. 栀子及其近缘类群的随机扩增多态 DNA 分析 [J]. 江西中医学院学报, 2007, 19(2): 54-55.
- [12] 葛菲,周至明. 栀子及其近缘类群的随机扩增多态 DNA 分析 [J]. 时珍国医国药, 2007, 18(8): 1917-1918.
- [13] 鲁耀邦,刘平安,李彬,等. 栀子 DNA 指纹图谱的 RAPA 分析 [J]. 湖南中医药大学学报, 2007, 27: 272-274.
- [14] 罗清,於艳萍,卢业飞,等. 基于 SSR 标记的杜鹃品种亲缘关系分析 [J]. 北方园艺, 2017(19): 111-117.
- [15] 周文才,温强,杨军,等. 油茶栽培品种 SSR 指纹图谱构建及聚类分析 [J]. 分子植物育种, 2017, 15(1): 238-249.
- [16] 荣浩,黄彬,周琦,等. 61 个观赏海棠品种的 SSR 指纹图谱构建及遗传多样性分析 [J]. 南京林业大学学报: 自然科学版, 2018, 42(3): 45-50.
- [17] Deng S Y, Wang X R, Zhu P L, et al. Development of polymorphic microsatellite markers in the medicinal plant *Gardenia jasminoides* (Rubiaceae) [J]. *Biochem Syst Ecol*, 2015, 58: 149-155.
- [18] Yeh F C, Yang R C, Boyle T. PopGene Version 131: Microsoft Window-based freeware for population genetic analysis [J]. *Univ Alb Centr Int Forestry Res*, 1999(3): 11-23.
- [19] Rohlf F J. NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System [M]. New York: Applied Biostatistics, 1992.
- [20] 文雁成,王汉中,沈金雄,等. SRAP 和 SSR 标记构建的甘蓝型油菜品种指纹图谱比较 [J]. 中国油料作物学报, 2006, 28(3): 233-239.

[责任编辑 时圣明]