

# Genetic Diversity Analysis of 82 Collections of Fig Germplasm in Southern Xinjiang with SSR Markers

Chunyan Liu<sup>1</sup>, Peng Li<sup>2</sup>, Abudukadier·Aihaiti<sup>1</sup>, Qi Zhang<sup>1</sup>, Guanghui Huang<sup>3</sup>, Askar·Mahat<sup>4</sup>, Liangrong He<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>College of Plant Science, Tarim University, Alar Xinjiang

<sup>2</sup>College of Information Engineering, Tarim University, Alar Xinjiang

<sup>3</sup>Institution of Agricultural Sciences, The Fourteenth Division, Hoten Xinjiang

<sup>4</sup>Forestry Management Station of Kizilsu Kirgiz of Autonomous Prefecture, Atux Xinjiang

Email: \*hrlzky@163.com

Received: Dec. 24<sup>th</sup>, 2018; accepted: Jan. 4<sup>th</sup>, 2019; published: Jan. 11<sup>th</sup>, 2019

## Abstract

DNA was extracted from young leaves of 82 fig germplasm collected by following the modified CTAB method. DNA was amplified by sequence-related Simple Sequence Repeats molecular markers to analyze genetic diversity and genetic similarity among 48 bands detected by 8 selective primer pairs. On average, each primer combination amplified 6.0 loci. The genetic similarity of 82 fig germplasm ranged from 0.048 to 1.00 with an average of 0.377. The genetic similarity that estimated by NTSYS pc-V. 2.1 was used for Unweighted Pair Group Method Analysis. According to the genetic similarity of 0.42, 82 fig germplasm were divided into 6 groups, which indicated that there were abundant germplasm resources. It was concluded that 82 fig germplasm share low genetic similarity and high genetic diversity.

## Keywords

Fig (*Ficus carica* Linn), Polymerase Chain Reaction, Simple Sequence Repeats, Genetic Diversity

# 82份南疆无花果种质资源遗传多样性的SSR分析

刘春艳<sup>1</sup>, 李 鹏<sup>2</sup>, 阿不都卡迪尔·艾海提<sup>1</sup>, 张 琦<sup>1</sup>, 黄光辉<sup>3</sup>, 艾斯卡尔·买海提<sup>4</sup>, 何良荣<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>塔里木大学植物科学学院, 新疆 阿拉尔

\*通讯作者。

文章引用: 刘春艳, 李鹏, 阿不都卡迪尔·艾海提, 张琦, 黄光辉, 艾斯卡尔·买海提, 何良荣. 82份南疆无花果种质资源遗传多样性的SSR分析[J]. 植物学研究, 2019, 8(1): 50-59. DOI: 10.12677/br.2019.81007

<sup>2</sup>塔里木大学信息工程学院, 新疆 阿拉尔

<sup>3</sup>新疆第十四师农业科学研究所, 新疆 和田

<sup>4</sup>新疆克孜勒苏柯尔克孜自治州林管站, 新疆 阿图什

Email: hlrzky@163.com

收稿日期: 2018年12月24日; 录用日期: 2019年1月4日; 发布日期: 2019年1月11日

## 摘要

本研究采用SSR分子标记技术对从和田、喀什和阿图什等地收集的82份无花果种质资源进行DNA水平遗传多样性评估, 采用改良CTAB法提取叶片基因组DNA。利用8对SSR分子标记分析, 共检测到48个多态性条带, 平均每个引物可检测到6个条带; 82份种质的相似性系数在0.048~1.00, 平均为0.377; 82份无花果供试材料经聚类分析在相似系数为0.42时划分为6大类, 结果表明南疆无花果所蕴含的种质。

## 关键词

无花果, PCR, SSR, 遗传多样性

Copyright © 2019 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

## 1. 引言

无花果(*Ficus carica* Linn.)属于桑科榕属无花果亚属, 为落叶灌木或乔木, 因无花果的小花隐藏在花托内, 为隐头花序, 只能看到花托形成的假果而看不到花, 我们吃的是它膨大的花序轴, 故称“无花果”。无花果具有很高的药用价值及营养价值, 果、叶、根均可入药; 无花果树枝繁叶茂, 树态优雅, 具有较好的观赏价值, 是园林绿化、美化和盆栽观赏的优良花卉树种; 是无公害绿色食品, 栽培技术简便, 适应性广[1][2][3][4]。近年来随着生活水平的提高, 人们越来越重视健康, 无花果作为第三代保健型水果受到人们的青睐。

无花果的研究经历了从表型到分子层面的转变, 分子标记技术近二、三十年来发展很快, 主要有 RFLP、RAPD、AFLP、CISH、SRAP、TRAP、ESTs、SNP、SSR。从染色体组型到 SSR 的过渡, 目前 SSR 技术是最为常用的, 成功的可能性最高的一种研究方法[5]-[10]。

无花果在新疆南疆地区种植分布零散, 种植区域之间距离较远, 本试验利用 SSR 分子标记技术, 对南疆无花果资源进行 DNA 水平遗传多样性评估, 能更好了解南疆蕴藏的无花果种质资源现状, 为种质资源的有效保存和利用奠定理论基础。

## 2. 材料与方法

### 2.1. 试验材料

以从和田、阿图什、新和、喀什、阿拉尔等地采集的 82 份无花果种质的叶片为试验材料, 采集地点及生境信息见表 1, 各材料的名称及来源情况见表 2。

**Table 1.** Location and habitat information of fig germplasm**表 1.** 无花果采集地点和生境信息

采集地	经度	纬度	海拔(m)	取样数目	材料名称
阿图什市松塔克乡阿孜干村(无花果园)	76°09'56.44"	39°41'51.48"	1311	1	喀什 1 号
阿图什市松塔克乡塔克提云村	76°09'04.81"	39°42'46.10"	1332	1	喀什 2 号
喀什市浩罕乡夏本帕提夏(10 村)	76°03'46.70"	39°30'34.14"	1317	1	喀什 3 号
喀什市浩罕乡沙普艾日克村	76°04'08.09"	39°32'38.52"	1340	1	喀什 4 号
喀什市浩罕乡夏本帕提夏(10 村)	76°02'44.76"	39°31'15.37"	1336	1	喀什 5 号
喀什市佰什克热木乡 4 村	76°07'21.81"	39°32'52.32"	1289	1	喀什 6 号
阿图什市疏附县阿瓦提乡亚郎(2 村)	76°06'10.80"	39°30'10.48"	1300	1	喀什 7 号
阿图什市北山戈壁产业科技示范区	76°10'29.09"	39°43'58.37"	1348	11	阿图什 1-11
新和排先拜扎乡阿热买里村	82°36'39.19"	41°31'08.75"	1021	5	新和 1-5
和田肖尔巴格乡	79°53'46.59"	37°06'31.92"	1376	10	和田 1-10
和田拉依喀乡库目受木乡(无花果王)	79°44'14.53"	37°04'27.99"	1421	2	无花果王
塔里木大学园艺试验站	81°17'	40°32'	995	3	塔大 1-3
塔里木大学园艺试验站	81°17'	40°32'	995	28	移栽 1-1~5-7
塔里木大学园艺试验站	81°17'	40°32'	995	16	扦插

**Table 2.** Name and source of test fig germplasm**表 2.** 试验种质名称及来源

材料序号	DNA 编号	材料名称	来源	材料序号	DNA 编号	材料名称	来源
1	H1	和田 1	和田	42	A16	和田不知道 I	和田
2	H10	和田 10	和田	43	A24	和田不知道 II	和田
3	H11	塔大 1	阿拉尔	44	A25	和田品种 5	和田
4	H12	塔大 2	阿拉尔	45	A29	B1011	阿图什
5	H13	塔大 3	阿拉尔	46	A30	布兰瑞克	阿图什
6	H14	和田无花果王	和田	47	A31	青皮	阿图什
7	H15	和田拉依喀乡	和田	48	A32	日本紫果 1	阿图什
8	H16	新和 1	新和	49	A34	第 4 行 1	阿图什
9	H17	新和 2	新和	50	A36	美丽亚	阿图什
10	H18	新和 3	新和	51	A37	第 10 行	阿图什
11	H19	新和 4	新和	52	A38	和田品种 2	和田
12	H2	和田 2	和田	53	A43	和田品种 8	和田
13	H20	新和 5	新和	54	A44	和田品种 8	和田
14	H21	喀什 1	喀什	55	A48	移栽 1-1	阿拉尔
15	H22	喀什 2	喀什	56	A49	移栽 1-2	阿拉尔
16	H23	喀什 3	喀什	57	A50	移栽 1-3	阿拉尔
17	H24	喀什 4	喀什	58	A51	移栽 1-4	阿拉尔
18	H25	喀什 5	喀什	59	A52	移栽 1-5	阿拉尔

## Continued

19	H26	喀什 6	喀什	60	A53	移栽 1-6	阿拉尔
20	H27	喀什 7	喀什	61	A54	移栽 1-7	阿拉尔
21	H28	阿图什 1	阿图什	62	A55	移栽 2-1	阿拉尔
22	H29	阿图什 2	阿图什	63	A56	移栽 2-2	阿拉尔
23	H3	和田 3	和田	64	A57	移栽 2-3	阿拉尔
24	H30	阿图什 3	阿图什	65	A58	移栽 2-5	阿拉尔
25	H31	阿图什 4	阿图什	66	A59	移栽 2-6	阿拉尔
26	H32	阿图什 5	阿图什	67	A60	移栽 2-7	阿拉尔
27	H33	阿图什 6	阿图什	68	A61	移栽 3-3	阿拉尔
28	H34	阿图什 7	阿图什	69	A62	移栽 3-4	阿拉尔
29	H35	阿图什 8	阿图什	70	A63	移栽 3-5	阿拉尔
30	H36	阿图什 9	阿图什	71	A64	移栽 3-6	阿拉尔
31	H37	阿图什 10	阿图什	72	A65	移栽 3-7	阿拉尔
32	H38	阿图什本地	阿图什	73	A66	移栽 4-1	阿拉尔
33	H4	和田 4	和田	74	A67	移栽 4-2	阿拉尔
34	H5	和田 5	和田	75	A68	移栽 4-3	阿拉尔
35	H6	和田 6	和田	76	A69	移栽 4-4	阿拉尔
36	H7	和田 7	和田	77	A70	移栽 4-5	阿拉尔
37	H8	和田 8	和田	78	A71	移栽 4-6	阿拉尔
38	H9	和田 9	和田	79	A72	移栽 5-1	阿拉尔
39	A1	阿拉尔本地	阿拉尔	80	A75	移栽 5-4	阿拉尔
40	A10	阿图什本地	阿图什	81	A77	移栽 5-6	阿拉尔
41	A12	阿图什本地	阿图什	82	A78	移栽 5-7	阿拉尔

## 2.2. DNA 的提取

叶片 DNA 的提取分为研磨、裂解、萃取、沉淀、洗脱、干燥、溶解 7 个步骤,详细过程参考刘春艳等[11]的提取方法。

## 2.3. DNA 的鉴定

核酸浓度用 NanDrop2000 Spectrophotometer 测定,根据 A260/A280 或 A260/A230 值判断 DNA 纯度, DNA 分子片段的长度及降解程度可通过 0.8%琼脂糖凝胶电泳,电泳液为  $0.5 \times$  TBE 缓冲液进行检测,电泳结果在 BIO-RAD ChemiDoc™ XRS + 中观察照相。

## 2.4. PCR 扩增反应与毛细管电泳

用 8 对引物对收集的 82 份材料进行分析,引物序列见表 3。PCR 体系由  $2.0 \mu\text{L}$   $10 \times$  Buffer,  $0.4 \mu\text{L}$   $10 \text{ mmol/L}$  NTP,  $0.2 \mu\text{L}$  Primer-F,  $0.2 \mu\text{L}$  Primer-R,  $0.2 \mu\text{L}$  DNA 聚合酶,  $5.0 \mu\text{L}$  模板 DNA,  $7.0 \mu\text{L}$  ddH<sub>2</sub>O 组成,总体系为  $15 \mu\text{L}$ 。反应在 C1000™ Thermal Cycler 中进行,PCR 扩增程序为:  $94^\circ\text{C}$  预变性 4 min,  $94^\circ\text{C}$  变性 30 s,  $56^\circ\text{C}$  复性 30 s,  $72^\circ\text{C}$  适温延伸 40 s, 34 个循环,最后  $4^\circ\text{C}$  保存[11]。DNA 扩增片段通过 0.8%琼脂糖凝胶电泳检测, Bio-Rad ChemiDoc™ XRS + 凝胶成像系统照相,选用 Trans5K DNA Marker 判断 DNA 扩增片段大小。

**Table 3.** Primer sequence and number of bases**表 3.** 引物序列及碱基数目

编号	Primer sequence (5'-3')	bp	退火温度(°C)	片段 Size(bp)
WHG-1-F	ACTAGACTGAAAAACATTGC	21	56	192
WHG-1-R	TGAGATTGAAAGGAAACGAG	20		
WHG-2-F	GCTTCCGATGCTGCTCTTA	19	56	172
WHG-2-R	TCGGAGACTTTTGTTC AAT	19		
WHG-3-F	GATATTTTCATGTTTAGTTTG	21	56	136
WHG-3-R	GAGGATAGACCAACAACAAC	20		
WHG-4-F	CCAAACCTTTAGATACAACCT	21	56	218
WHG-4-R	TTTCTCAACATATTAACAGG	20		
WHG-5-F	ACCAATCCAAATAATAATCC	20	56	140
WHG-5-R	ACACGCTTACTAGAATTACC	20		
WHG-6-F	AGGCTACTTCAGTGCTACA	19	56	313
WHG-6-R	GCCATAAGTAATAAAAACC	19		
WHG-7-F	CACAATCAA AATAGTTACCG	20	56	150
WHG-7-R	AGCGAAGACAGTTACAAAGC	20		
WHG-8-F	GTGGCGTCGTCTTAATAAT	20	56	179
WHG-8-R	TATTCATGCTGCTTATGTCA	22		

PCR 扩增产物用 NGS Fragment Analyzer™进行毛细管电泳法检测, 毛细管电泳所用胶根据样品数而定, 若是 1F + 7GP 模式, 即插入染料体积为 1.25  $\mu$ L, 分离胶的体积为 25 ml, 结果用其配备的 PRO Size™分析软件进行分析[12]。

## 2.5. 遗传相似系数计算与绘制 DUPGMA 聚类图

根据引物扩增得到的 SSR 标记信息, 转化为“01”矩阵, 有带记为 1, 无带为 0, 利用 NTsys 2.10e 聚类分析软件进行遗传多样性分析, 计算各材料间的相似系数, 聚类分析按基于 Nei-Li 遗传相似系数按不加权成对数算术平均法(Unweighted pair group method with arithmetic, UPGMA)进行, 绘制聚类图[13]。

## 3. 结果与分析

### 3.1. DNA 样品的纯度与浓度分析

用 NanDrop 2000 Spectrophotometer 仪器测得样品 DNA 含量, A260 表示核酸在波长为 260 nm 时的吸光值, A280 是蛋白质和酚类物质在最高吸收波长 280 nm 处的吸光值, A230 是碳水化合物最高吸收峰的吸光值, 纯 DNA 的 A260/A230 值约为 2.5, 纯 DNA 的 A260/A280 比值约为 2.0, 均能满足 SSR 分子标记需要。

### 3.2. SSR 标记结果与分析

从表 4 可知, 82 个无花果叶片材料经 8 对引物共检测到 48 个多态性条带, 平均每个引物可检测到 6 个条带, 每个材料平均可检测到 0.6 个标记; 8 对引物扩增的条带范围集中在 110 bp~320 bp 之间。

引物 WHG-6 在 82 个材料中扩增得到 13 个条带(见表 5), 为最多, 引物 WHG-4 和 WHG-5 只有 2 条带最少。以引物 WHG-3 为例, 82 个材料中扩增得到的 5 个条带大小在 118 bp~132 bp 之间, 每个材料的扩增结果见表 5。通过对比发现, 同一种材料采用不同的引物进行扩增, 得到的条带数不同, 大小分布情况有所差异。

**Table 4.** Primers amplify information  
**表 4.** 引物扩增信息结果

引物名称	扩增总条带数	条带片段大小(bp)
WHG-1	5	173~190
WHG-2	11	155~190
WHG-3	5	118~132
WHG-4	2	214~218
WHG-5	2	126~138
WHG-6	13	289~316
WHG-7	6	142~158
WHG-8	4	171~175

**Table 5.** SSR fragment size distribution (Primer WHG-3 was taken as an example)  
**表 5.** SSR 片段大小分布情况(引物 WHG-3 为例)

品系	不同大小的 SSR 片段(bp)					品系	不同大小的 SSR 片段(bp)				
	118	120	122	124	132		118	120	122	124	132
H1	1	0	0	1	0	A16	0	0	0	0	1
H10	0	0	1	1	0	A24	0	0	0	0	1
H11	0	0	1	1	0	A25	0	0	0	0	1
H12	0	0	1	1	0	A29	0	0	0	1	1
H13	0	0	1	1	0	A30	1	0	0	1	0
H14	0	0	1	1	0	A31	0	1	0	0	1
H15	0	0	1	1	0	A32	0	0	0	0	1
H16	0	0	0	0	1	A34	0	0	0	0	1
H17	0	0	0	0	1	A36	0	0	0	0	1
H18	1	0	0	1	0	A37	0	0	1	1	0
H19	0	0	1	1	0	A38	0	0	1	1	0
H2	0	0	1	1	0	A43	0	1	0	0	1
H20	0	0	1	1	0	A44	0	1	0	0	1
H21	0	0	1	1	0	A48	1	0	1	1	0
H22	0	0	1	1	0	A49	1	0	1	1	0
H23	0	0	1	1	0	A50	0	0	1	1	0
H24	0	0	1	1	0	A51	0	0	1	1	0
H25	0	0	1	1	0	A52	1	0	0	1	0
H26	0	0	1	1	0	A53	1	0	0	1	0
H27	0	0	1	1	0	A54	1	0	1	1	1
H28	0	0	0	1	0	A55	1	0	1	1	1

## Continued

H29	0	1	0	0	1	A56	0	1	1	0	1
H3	0	1	0	0	1	A57	0	1	1	0	1
H30	1	0	0	1	0	A58	1	0	0	1	1
H31	0	0	0	0	1	A59	1	0	0	1	1
H32	0	0	0	0	1	A60	0	0	0	0	1
H33	0	0	0	0	1	A61	0	0	1	1	0
H34	0	1	0	0	1	A62	1	0	0	1	0
H35	0	0	0	0	1	A63	1	0	0	1	0
H36	0	0	1	1	0	A64	1	0	0	1	0
H37	0	0	1	1	0	A65	1	0	0	1	0
H38	0	0	1	1	0	A66	1	0	0	1	0
H4	0	0	1	1	0	A67	0	0	1	1	0
H5	0	0	0	1	1	A68	1	0	0	1	0
H6	0	0	0	0	1	A69	0	1	0	0	1
H7	0	1	0	0	1	A70	0	0	1	1	0
H8	0	1	0	0	1	A71	0	0	1	1	0
H9	0	0	0	0	1	A72	0	0	1	1	0
A1	0	0	1	1	0	A75	0	0	1	1	0
A10	0	0	1	1	0	A77	0	0	1	1	0
A12	0	0	1	1	0	A78	0	0	1	1	0

## 3.3. 遗传相似性分析

根据 8 对引物扩增得到的 48 个 SSR 标记信息, 有 SSR 标记片段记为“1”, 无记为“0”, 得到 01 矩阵, 利用 NTsys 2.10e 聚类分析软件计算出 94 份无花果材料的遗传相似性系数(表 6)及绘制聚类图, 最大值为 1.00, 最小值为 0.048 (移栽 1~2、移栽 1~6 与阿图什 8 之间), 平均为 0.377。

**Table 6.** SSR markers for genetic similarity coefficient between 82 fig material (14 cases)

**表 6.** SSR 标记得到 82 个无花果材料间的部分遗传相似系数(其中 14 个为例)

材料序号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	1.00													
2	0.32	1.00												
3	0.32	1.00	1.00											
4	0.29	1.00	1.00	1.00										
5	0.32	1.00	1.00	1.00	1.00									
6	0.32	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00								
7	0.32	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00							
8	0.33	0.33	0.33	0.33	0.33	0.33	0.33	1.00						
9	0.35	0.16	0.16	0.11	0.16	0.16	0.16	0.29	1.00					
10	1.00	0.32	0.32	0.29	0.32	0.32	0.32	0.33	0.35	1.00				
11	0.32	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.33	0.16	0.32	1.00			
12	0.32	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.33	0.16	0.32	1.00	1.00		
13	0.26	0.92	0.92	0.91	0.92	0.92	0.92	0.27	0.17	0.26	0.92	0.92	1.00	
14	0.32	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.33	0.16	0.32	1.00	1.00	0.92	1.00

### 3.4. 聚类分析

依据表 6 的相似性系数, 利用 UPGMA 聚类分析结果见图 1, 由图看出, 82 份种质共计 40 类, 供试材料在相似系数为 0.42 时分为六个类群。第 I 类群包含 1、10、24、59、60、61、45、69、70、71、72、75、73、58、64、65 共 16 个; 第 II 类群包含 21、30、31、33、50 共 5 个; 第 III 类群包含 9、25、27、29、35、38、28、36、49、42、43、48、67、63、34 共 15 个; 第 IV 类群包含 37、52、53、76、44 共 5 个; 第 V 类群包含 2、3、4、5、6、7、11、12、14、15、16、17、18、19、20、32、13、40、41、51、57、66、74、77、79、80、81、56、78、82、55、54、39、68、62 共 35 个; 第 VI 类群包含 8、26、47、22、23、46 共 6 个。

从图 1 可知, 来自喀什、和田、阿图什、新和及塔大的本地无花果材料, 如喀什 1~7 号、塔大 1~3 号、和田无花果王、新和 5 号、和田 2、10 号聚为第 V 类, 虽然聚居地不同, 但仍聚为一类, 说明聚居地对无花果的遗传改良作用不大。

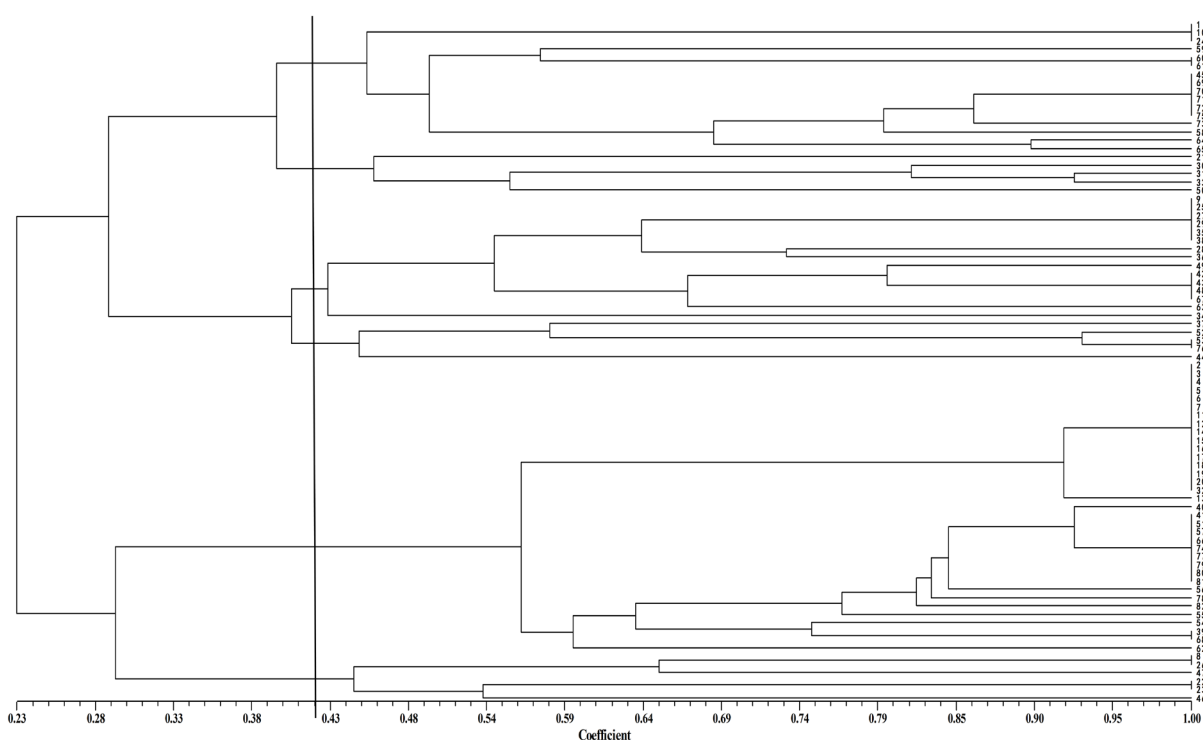


Figure 1. UPGMA dendrogram based on SSR tag data

图 1. 基于 SSR 标记数据绘制的 UPGMA 聚类图

新和采集的 5 份材料分布于 I、III、V、VI 类群, 塔大移栽的 28 份无花果资源分布于 I、III、IV、V 类群, 阿图什采集的无花果种质分布于 I、II、III、V、VI 类群, 和田的 10 份无花果资源分布于 I、II、III、IV、V、VI 类群。可见, 新和、阿图什、和田、塔大移栽的无花果类型丰富。

## 4. 结论与讨论

### 4.1. SSR 标记对无花果资源多样性分析是可行的

82 份种质共检测到 48 条多态性条带, 每个引物平均得到 6 条带; 82 份所有种质的相似性系数在 0.048~1.00, 平均为 0.377, 遗传相似性低, 遗传基础差异较大。

条带检测结果与引物, 各种成分的组合比例, 扩增程序的设定, 操作过程有关。个别试验材料经毛



细管电泳不能扩增得到多态性条带, 82 份种质共检测得到的条带为 48 条多态性条带, 结果可能与引物有关, 因所用引物只有 8 对, 部分材料不能特异性结合产生特异性片段, 且试验存在误差, 操作过失, 扩增过程中变性、复性、延伸的时间不恰当等, 都会造成个别材料没有谱带。所提取的 DNA 纯度不高, 可依次用酚/氯仿/异戊醇、氯仿/异戊醇抽提, 去除蛋白质, 加入 RNA 酶去除 RNA, 以确保试验结果的精确性。

关于 SSR 分子标记技术在作物遗传育种中的应用罗冉[14]等作了详细的讲述, SSR 所用 DNA 量少且质量要求低, 即使是部分降解的样品也可进行分析; 结合相关分析、聚类分析等数量遗传分析手段, 可以对不同亲缘物种进行分类, 判断其亲缘关系, 评价不同品种的异质性并进而划分杂交优势群。胡杨、梁俊、晷逢刚已经在甘蔗种质上成功应用, 本试验所用的方法借鉴了他们的方法, 在此基础上作了适当的调整, 利用其多态性丰富、提供遗传信息多、操作便利、在基因中分散分布等特点, 根据聚合酶链式反应原理, 对无花果的 SSR-PCR 反应体系各个成分的浓度、用量、组合效应及扩增程序等的优化成功得到清晰、准确的多态性标记, 且降低试验成本, 能更好地探索南疆无花果种质资源的遗传多样性规律, 为进一步进行无花果的种间杂交提供基础。

#### 4.2. 南疆无花果 82 份资源划分为 6 类, 多样性丰富

将 82 份无花果供试材料经聚类分析在相似系数为 0.42 时划分为 6 大类; 南疆蕴含的无花果种质资源丰富, 阿图什、新和、和田等地种植的无花果类型多样, 可为以后的进一步更深入研究提供基础[14]。

#### 4.3. 南疆无花果资源遗传多样性来源于外地引种

研究结果显示来自和田、喀什、阿图什和新和的本地无花果聚为一类, 遗传无差异, 聚居地对遗传无影响, 无花果以扦插、压条为主进行无性繁殖, 出现遗传变异的几率低。阿图什、新和、和田等地的无花果种质资源中, 除本地无花果以外, 均为近 5~6 年从内地引进的, 可见种质资源丰富源自于引种。

### 基金项目

新疆兵团博士资金专项《南疆无花果种质资源多样性研究》(2014BB013); 新疆第一师科技局项目《南疆无花果设施栽培技术体系的建立》(2016YY10); 大学生创新项目(国家级)《无花果扦插育苗体系的建立》(107572017057)。

### 参考文献

- [1] 桂萍. 中国榕属无花果亚属(*Ficus subg. Ficus*)的形态解剖学研究[D]: [硕士学位论文]. 上海: 华东师范大学, 2013.
- [2] 柴金珍, 黄远英, 袁根良, 等. 无花果的药理作用研究进展[J]. 中成药, 2016, 28(8): 1805-1810.
- [3] 刘晓芹, 周蓉. 中国无花果产业的春天[J]. 中国农村科技, 2014(9): 56-57.
- [4] 古丽尼沙·卡斯木, 刘永萍, 阿洪江·欧斯曼, 阿布都江·卡热. 新疆无花果的营养价值与作用[J]. 防护林科技, 2012, 111(6): 97-100.
- [5] 商宏莉, 郭英, 梁国鲁. 6 个无花果品种的染色体组型研究[J]. 西南农业大学学报(自然科学版), 2004(3): 264-269.
- [6] 王亮, 王彩虹, 田义轲, 等. 山东省无花果种质资源多样性的 RAPD 分析[J]. 植物遗传资源学报, 2007(3): 303-307.
- [7] 胡杨. 甘蔗种质资源遗传多样性研究[D]: [硕士学位论文]. 南宁: 广西大学, 2016.
- [8] 梁俊, 李杨瑞, 方锋学, 等. 甘蔗属不同种及优良甘蔗栽培品种的 SSR 标记遗传多样性分析[J]. 广西植物, 2010, 30(5): 594-600.
- [9] 梁俊, 李杨瑞, 方锋学. 利用 SSR 标记与毛细管电泳对甘蔗属进行的遗传分析[J]. 广西植物, 2010, 30(1): 106-111.

- [10] 咎逢刚, 应雄美, 吴才文, 等. 98 份甘蔗种质资源遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 中国农业科学, 2015, 48(5): 1002-1010.
- [11] 刘春艳, 张琦, 阿不都卡迪尔·艾海提, 等. 不同贮藏方式对无花果叶片 DNA 提取效果的比较[J]. 塔里木大学学报, 2017, 29(2): 7-12.
- [12] 李益, 马先锋, 唐浩, 等. 柑橘品种鉴定的 SSR 标记开发和指纹图谱库构建[J]. 中国农业科学, 2018, 51(15): 149-159.
- [13] 石建斌, 周红, 王宁, 等. 棉花 SSR 标记种质资源纯度鉴定及遗传多样性分析[J]. 生物技术通报, 2018, 34(7): 138-146.
- [14] 罗冉, 吴委林, 张昉, 等. SSR 分子标记在作物遗传育种中的应用[J]. 基因组学与应用生物学, 2010, 29(1): 137-143.

#### 知网检索的两种方式:

1. 打开知网页面 <http://kns.cnki.net/kns/brief/result.aspx?dbPrefix=WWJD>  
下拉列表框选择: [ISSN], 输入期刊 ISSN: 2168-5665, 即可查询
2. 打开知网首页 <http://cnki.net/>  
左侧“国际文献总库”进入, 输入文章标题, 即可查询

投稿请点击: <http://www.hanspub.org/Submission.aspx>  
期刊邮箱: [br@hanspub.org](mailto:br@hanspub.org)