

新疆野生啤酒花遗传多样性的形态和 SSR 比较分析

刘海英, 张霞, 原俊凤, 王仿, 王吉, 王绍明

(石河子大学 生命科学院, 新疆 石河子 832003)

摘要:采用 SSR 分子标记、结合形态指标对新疆野生啤酒花资源的遗传多样性进行了研究。结果表明:新疆野生啤酒花产量分别与百花重、单蔓果穗数和最长节间长 3 个性状呈极显著正相关;与单果穗重、主蔓长、果穗长 3 个性状呈显著正相关;以上 6 个性状具有相同的变化趋势,是影响新疆野生啤酒花产量的主要因素。根据形态学指标聚类分析,将材料分为三大类。在分子标记中,从 7 对引物中选出 3 对反应稳定、具有多态性的引物用于群体遗传多样性检测分析,得出 7 个居群的平均遗传多样性是 A 为 1.5000, Ne 为 1.2910, h 为 0.1741, I 为 0.2597。7 个居群的遗传距离在 0.0197~0.3152。利用 UPGMA 法对 7 个居群间的遗传关系进行了聚类分析,分为两大类,可见新疆野生啤酒花遗传多态性较为丰富。形态学指标和遗传多样性指标的相关分析表明:全生育期、果穗结实率、叶分裂类型、叶主裂数、叶长、主蔓果穗数与遗传多样性指标具有一定的相关性。

关键词:新疆野生啤酒花; SSR; 形态标记; 遗传多样性

中图分类号: S 519. (245) **文献标识码:** A **文章编号:** 1001—0009(2009)04—0015—05

啤酒花(*Humulus Lupulus* L.)为大麻科葎草属多年生草本植物,雌雄异株,具有重要的经济价值和药用价值^[1]。据调查,新疆野生啤酒花主要分布于新疆天山山脉和阿尔泰山。其种群分布广、规模大、生境类型多,而且成熟期差异明显。野生啤酒花在长期的生态适应和演化中,形成了丰富的有利基因,是啤酒花抗性育种、品质改良的有益材料^[2-3]。近年来,国外对野生啤酒花的研究很重视,对欧洲、北美、亚洲的中国、日本的野生啤酒花及世界上主要啤酒花栽培种从不同的角度进行了遗传多样性研究^[4-8]。但是,未对中国尤其是新疆野生啤酒花进行具体研究。在国内,前面已使用 RAPD 标记对新疆野生啤酒花遗传多样性做了一些工作^[3]。该研究采用 SSR 标记与传统形态评价相结合的研究方法,对新疆野生啤酒花资源遗传多样性进行更加详细的评价研究,旨在为新疆的野生啤酒花资源的保护和利用提供可靠的依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

第一作者简介:刘海英(1978-),女,湖南东安人,硕士,研究方向为植物遗传学。E-mail: liuhy720400@sina.com。
通讯作者:张霞(1964-),女,河南洛阳人,教授,现从事遗传学教学和科研工作。E-mail: xiazh@shzu.edu.cn。
基金项目:教育部“春晖计划”资助项目(Z2004-2-65043);教育部科学技术研究重点资助项目(03161)。
收稿日期:2008-12-10

试材于 2006 年 4、11 月采集于海拔 400~1 000 m 光照较好的山地林缘、灌丛或河流两岸的水湿地。共 9 个居群:AA 居群位于阿尔泰桦林公园;AB 居群位于阿勒泰哈巴河县;AC 居群位于布尔津县的冲乎尔乡;AD 居群位于布尔津县的杜来提乡;AE 居群位于阿勒泰 185 团;TE 居群位于塔城的额敏县 165 团;TY 塔城的裕民县;YH 居群位于伊犁河流域的霍城县;YX 居群位于新源县。然后引种到石河子大学农试场。各居群的植株个体至少在 10 株以上,有的达到 40~60 株。

1.2 试验方法

1.2.1 田间性状测定及数据分析 对茎、叶、花和果等器官进行较全面调查,在各居群整个生育期间分别记录了产量、百花重、单蔓果穗数、最长节间长、单果穗重、主蔓长、果穗长、全生育期、果穗结实率、主蔓长、叶主分裂数、植株颜色、叶分裂类型、成熟雄花花蕾形状等 35 个形态学性状,对其中的质量性状观察记录并量化。测量的性状以 cm 为单位,随机取样。原始数据标准化后利用 SPSS FOR WINDOWS (Version 13.0) 软件进行相关、聚类分析。

1.2.2 各居群试验材料的分子多态性和数据分析 分别剪取 0.2 g 幼嫩叶片提取基因组 DNA 作模板,提纯参照 CLARK (1998) 的 CTAB 法, DNA 纯化后,含有 0.5%EB 的 0.8%琼脂糖凝胶电泳检测。将 DNA 浓度平衡至 30 ng/ μ L。PCR 反应体系如下: 30 ng/ μ L Genome DNA 1 μ L; 1.5 U DNA Taq polymerase 5 U/ μ L; 0.3 μ L; 0.8 μ M Reserve primer 20 μ M、1 μ L; 0.8 μ M

Forward primer 20 μM、1 μL; 200 μM dNTP 2.5 mM、2 μL; 1.5 mM MgCl₂ 25 mM、1.5 μL; 1× Buffer 2.5 μL; dd H₂O 15.7 μL。扩增反应在 PCR 仪(PTC-200, 美国)中进行。扩增程序: 95℃ 300 s; 94℃ 45 s; 55℃ 30 s; 72℃ 90 s; 94℃ 45 s 循环 26 次; 72℃ 延伸 8 min; 扩增产物加上 2 mL 加样缓冲液, 在含有 0.5%EB 的 3.5%琼脂糖凝胶中以 1× TBE 为电泳缓冲液电泳 1~2 h(4~5 V/cm)。对于在 3.5%琼脂糖凝胶中多态性不明显的引物经 6%变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离后银染显示带型(萨姆布鲁克等, 2000)。用 PUC19 DNA Marker 作为分子量标记。某位点等位基因存在记为 1, 不存在记为 0。用 POPGENE32 软件进行分析, 用 UPGMA 法进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 新疆野生啤酒花的 11 个农艺性状相关分析

表 1 新疆野生啤酒花 11 个数量性状的相关分析

Table 1 Correlation analysis among morphological characteristics of wild hop of xinjiang

	X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅	X ₆	X ₇	X ₈	X ₉	X ₁₀	X ₁₁
X ₁	1.000										
X ₂	0.469 **	1.000									
X ₃	0.860 **	0.044	1.000								
X ₄	0.351 *	0.792 **	-0.057	1.000							
X ₅	0.185	-0.212	0.303	-0.063	1.000						
X ₆	0.380 *	-0.092	0.524 **	-0.089	0.573 **	1.000					
X ₇	0.327 *	0.599 **	-0.001	0.620 **	-0.060	-0.170	1.000				
X ₈	0.203	0.601 **	-0.050	0.385 *	-0.154	0.016	0.519 **	1.000			
X ₉	0.253	0.372 *	0.092	0.255	0.055	0.094	0.163	0.542 **	1.000		
X ₁₀	0.499 **	0.171	0.414 **	0.094	0.234	0.083	0.024	0.152	0.382 *	1.000	
X ₁₁	0.187	-0.113	0.316 *	-0.051	0.596 **	0.344 *	-0.130	-0.084	0.055	0.348 *	1.000

注: X₁ 单蔓产量; X₂ 百花重; X₃ 单蔓果穗数; X₄ 单果穗重; X₅ 侧蔓数; X₆ 主蔓长; X₇ 果穗长; X₈ 果穗粗; X₉ 叶面积; X₁₀ 最长节间长; X₁₁ 茎粗; * 和 ** 分别代表在 0.05 和 0.01 水平上的差异显著性。
Notes: x₁, the yield of per vine; x₂, 100-cone weight; x₃, number of cones per vine; x₄, average cone weight; x₅, branch number; x₆, the length of main vine; x₇, the length of cone; x₈, perimeter of cones; x₉, leaf area; x₁₀, the longest internode length; x₁₁, perimeter of vine. * and ** stand for significant at 0.05 and 0.01 level, respectively.

由表 1 可知, 发现新疆野生啤酒花产量与百花重、单蔓果穗数和最长节间长 3 个性状均是极显著正相关, 相关系数依次为 0.469、0.860、0.449; 与单果穗重、主蔓长、果穗长 3 个性状呈显著正相关, 相关系数分别为 0.351、0.380、0.327。可见 以上 6 个性状是影响新疆野生啤酒花产量的主要因素, 尤其是前 3 个性状。单果穗重、果穗长与百花重呈极显著正相关, 相关系数分别为 0.792、0.599。主蔓长、最长节间长与单蔓果穗数呈极显著正相关, 相关系数分别为 0.524、0.414。果穗长与单果穗重呈极显著正相关, 相关系数为 0.620。这说明主蔓长、最长节间长、单蔓果穗数、百花重、单果穗重、果穗长、产量具有相同的变化趋势。果穗粗与百花重呈极显著正相关(0.601), 与单果穗重呈显著正相关(0.385), 与果穗长达极显著正相关(0.519)。这说明果穗粗是影响产量的间接因素。茎粗分别与单蔓果穗数、主蔓长、最

长节间长呈显著正相关, 相关系数分别为 0.316、0.344、0.348。叶面积分别与百花重、最长节间长呈显著正相关, 相关系数分别为 0.732、0.382。侧蔓数与主蔓长达极显著正相关(0.573)。这说明茎越粗、叶面积越大、侧蔓数越多的植株, 产量越高。

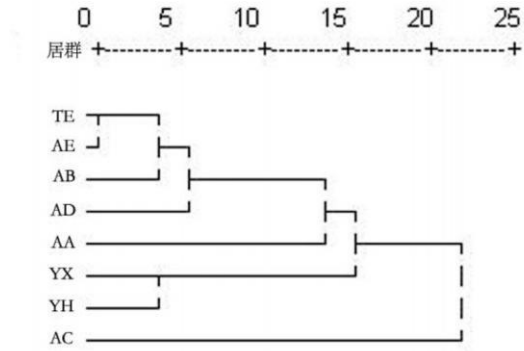


图 1 新疆野生啤酒花各居群材料的形态数据聚类图
Fig. 1 Morphological dendrogram of wild hop population of Xinjiang from cluster analysis

2.2 聚类分析

以 35 个形态指标作为原始数据, 标准化计算新疆野生啤酒花各居群间的欧氏距离, 对得到的距离矩阵采用组间连接(Between-groups linkage)进行聚类分析, 建立亲缘关系聚类树状图(图 1), 在欧氏距离系数为 15 处将居群分为三大类, 第一大类包括 TE、AE、AA、AB、AD 5 个居群, 共同特征主要为: 叶大而厚、呈墨绿色, 主要有 3 种分裂类型、分裂数以 3 裂或 5 裂为主, 以 4 裂为次; 茎表皮、钩刺、叶柄处多分布浅红色; 成熟雄花花蕾大而圆, 白绿色; 果穗粗、长、黄绿色, 苞片紧凑。第二大类包括 YX、YH 居群, 植株形态多样性指数高, 叶分裂裂数主要为 3 裂, 其次为不裂。植株颜色相对第一大类较浅, 成熟雄花花蕾小而圆、呈绿色; 花粉活性很低; 果穗呈多样性。第三大类为 AC 居群, 该居群植株纤细, 呈绿色; 叶薄而小、呈黄绿色、以 1 种分裂类型为主, 其次为 2 种或 3 种, 叶分裂裂数主要为 3 裂; 成熟雄花花蕾大、长圆形、呈黄白色; 果穗长而粗、呈黄白色、苞片长而宽、软而薄, 且排列松散。

2.3 SSR 分析

2.3.1 遗传多样性和遗传结构的 SSR 分析 从 7 对引物中选出 3 对反应稳定、具有多态性的引物用于群体遗传多样性分析, SSR 所检测到的物种多态位点百分率为 100%。其中 AB 居群多态位点百分率最小(28.75%), YY 居群的多态位点百分率最大为(87.50%)。不同居群的遗传多样性参数差别较大, AB 居群的 Shannon 多样性指数最低为 0.1465, 这可能与该居群的人类活动频繁有关 YH 居群的多样性指数最高为 0.4023, 平均为

0.2597。在 7 个居群中, A 从 1.2500 到 1.8750 之间变化; Ne 从 1.1644 到 1.4373 之间变化; h 从 0.0938 到 0.3241 之间变化; I 从 0.1465 到 0.4023 之间变化。7 个居群的平均遗传多样性是 A 为 1.5000, Ne 为 1.2910, h 为 0.1741, I 为 0.2597。7 个居群中有 4 个居群在平均值以下(AD 居群、AB 居群、TE 居群和 TY 居群), 3 个居群在平均值以上(AA 居群、AC 居群和 YH 居群)。由图 2 可知, 多态性条带比率、等位基因数、有效等位基因数和 Shannon 多样性指数对各个居群遗传多样性水平的检验结果基本一致。YH 居群的遗传多样性最高, 而 AB 居群的多样性最低。从表 3 中可以看出, 由 Shannon 指数估算的啤酒花的遗传变异有 64.05% 存在于居群内, 35.95% 变异存在于居群间。Gst 平均值为 0.3212, 即有 32.12% 的遗传变异存在群体之间, 而有 67.88% 的遗传变异存在于群体之内。在 Gst 值的基础上估算啤酒花居群间的 Nm 为 1.8472, 也就是啤酒花群体间每代迁移个体数大于 1。

表 2 居群内 SSR 多样性指标种群

Table 2 Genetic diversity with populations by SSR

种群 Pop	取样 大小 N	多态位 点比率 p	平均每个 位点的等位 基因数 A	平均每个 位点的有效 等位基因数 Ne	Nei 多样性 指数 h	Shannon 信息指数 I
AA	10	75.00	1.6250	1.3706	0.2230	0.3287
AC	10	75.00	1.6250	1.4225	0.2326	0.3651
AD	10	50.00	1.3750	1.1835	0.1165	0.1731
AB	10	28.75	1.2500	1.1644	0.0938	0.1465
TE	10	50.00	1.3750	1.2581	0.1079	0.2186
TY	10	50.00	1.3750	1.2006	0.1205	0.1835
YH	10	87.50	1.8750	1.4373	0.3241	0.4023
Mean	10	50	1.5000	1.2910	0.1741	0.2597
Total	70	100	2.0000	1.4451	0.2700	0.4188

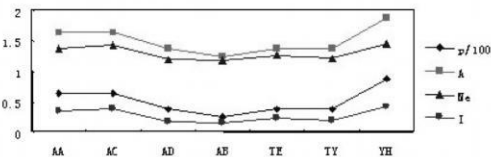


图 2 居群内 SSR 多态性指数的变化

Fig. 2 The variety of SSR diversity index within population

表 3 由 Shannon 多样性指数估算的居群间遗传分化

Table 3 Genetic differentiations among *H. lupulus* stimulated by Shannon's diversity index

引物	Hpop	Hsp	Hpop /Hsp	(Hsp-Hpop) /Hsp	Gst	Nm
11a59	0.1997	0.5455	0.3662	0.6338	0.6248	1.3430
5-2	0.2848	0.3329	0.8556	0.1444	0.0676	3.8983
HIGA	0.2789	0.3985	0.6998	0.3002	0.2713	0.3002
Mean	0.2545	0.4256	0.6405	0.3595	0.3212	1.8472

2.3.2 遗传距离和聚类分析 由表 4 可知, 7 个居群的遗传相似度最小为 0.7441, 最大为 0.9805, 平均为

0.8690。7 个居群的遗传距离在 0.0197 ~ 0.3152。其中 AA 居群和 AC 居群之间的遗传距离最小(0.0197), 遗传距离最大的是 AD 居群和 AB 居群(0.3152), 居群间的平均遗传距离为 0.1346, 居群间发生了一定的分化。利用 UPGMA 法对 7 个居群间的遗传关系进行了聚类分析, 结果如图 3 所示, 7 个居群可以分为两大支: 第一分支为 AD、TE 和 YH 居群, AD、TE 首先聚成小类, 相似系数大(0.9803), 说明两居群亲缘关系较近。这 2 个居群聚成小类后与 YH 居群聚成亚群, 说明 YH 居群与 AD、TE 亲缘关系相对较远; 第二分支为 AA、AC、TY 和 AB 居群, AA、AC 居群聚成小类, 相似系数大(0.9805), 说明两居群亲缘关系近, 在第二支中, AB 居群与 AA、AC、TY 居群距离较远, 独自成类, 说明它与后三者亲缘关系较远。TE、TY 居群空间距离很近, 而遗传距离较大(0.1648), AD、YH 居群空间距离较远, 而遗传距离较小(0.0762), 这说明居群间的遗传距离与空间距离不太一致。

表 4 7 个啤酒花居群的 Nei 遗传距离和遗传一致度

Table 4 Nei's genetic identity and distance among 7 populations

of *H. lupulus*

pop ID	AA	AC	AD	AB	TE	TY	YH
AA	****	0.9805	0.8363	0.9147	0.8280	0.9773	0.8912
AC	0.0197	****	0.7707	0.9169	0.7871	0.9198	0.8645
AD	0.1787	0.2604	****	0.7299	0.9803	0.8724	0.9266
AB	0.0892	0.0868	0.3152	****	0.7441	0.8697	0.7598
TE	0.1887	0.2394	0.0199	0.2956	****	0.8481	0.9355
TY	0.0230	0.0836	0.1365	0.1396	0.1648	****	0.8950
YH	0.1151	0.1456	0.0762	0.0762	0.0624	0.1109	****

注: 在“*”上方的数据为遗传相似系数, 下方为遗传距离。
Note: Nei's genetic identity above the “*” and distance below the “*”.

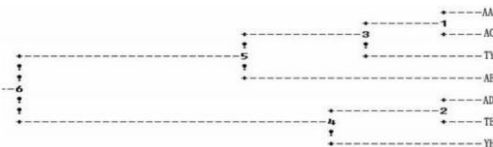


图 3 基于 SSR 标记的啤酒花居群 UPGMA 聚类分析图

Fig. 3 UPGMA clustering for 7 populations of *H. lupulus* based on SSR

2.4 形态指标与遗传多样性指标的相关性

将新疆野生啤酒花的 6 个形态指标与 3 个遗传多样性指标即多态位点比率、Nei 指数、Shannon 指数进行了相关分析。结果表明: 多态位点比率分别与全生育期、果穗结实率、呈显著正相关, 相关系数分别为 0.865、0.827, 与叶分裂类型、叶主裂数、叶长、主蔓果穗数呈显著负相关, 相关系数分别为 -0.823、-0.837、-0.814、-0.863; Nei 指数与全生育期、呈显著正相关, 相关系数分别为 0.852、0.869, 与叶分裂类型、叶主裂数、主蔓果穗数呈显著负相关, 相关系数分别为 -0.881、-0.850、

—0.906; Shannon 指数与全生育期呈极显著正相关, 相关系数为 0.920, 与叶分裂类型、叶主裂数呈显著负相关, 相关系数分别为—0.844、—0.832 与主蔓果穗数呈极显著

负相关, 相关系数—0.917。以上数据说明全生育期、果穗结实率与遗传多样性指标变化一致, 叶分裂类型、叶主裂数、主蔓果穗数、叶长与遗传多样性变化趋势相反。

表 5 9 个形态学性状指标与遗传多样性指标的相关性

Correlation coefficients between genetic diversity and morphology									
	Y_1	Y_2	Y_3	Y_4	Y_5	Y_6	Y_7	Y_8	Y_9
Y_1	1.000								
Y_2	—0.672	1.000							
Y_3	—0.628	0.685	1.000						
Y_4	—0.610	0.449	0.820 *	1.000					
Y_5	—0.863 *	0.678	0.907 *	0.732	1.000				
Y_6	0.865 *	—0.823 *	—0.837 *	—0.814 *	—0.863 *	1.000			
Y_7	0.852 *	—0.881 *	—0.850 *	—0.637	—0.906 *	0.944 **	1.000		
Y_8	0.920 **	—0.844 *	—0.832 *	—0.762	—0.917 **	0.963 **	0.939 **	1.000	
Y_9	0.613	—0.406	—0.793	—0.938 **	—0.720	0.827 *	0.682	0.711	1.000

注 Y_1 全生育期; Y_2 叶分裂类型; Y_3 叶主裂数; Y_4 叶长; Y_5 主蔓果穗数; Y_6 多态位点比率; Y_7 Nei; Y_8 Shannon; Y_9 果穗结籽率。* 和 ** 分别代表在 0.05 和 0.01 水平上的差异显著性。

Note: y_1 , growing period; y_2 type number of leaf cleavage; y_3 main number of leaf cleavage; y_4 cone number of main vine; y_6 the percentage of loci; y_7 effective number of alleles; y_8 Shannon's information index; y_9 the seed rate. * and ** stand for significant at 0.05 and 0.01 level respectively.

3 讨论

产量是衡量新疆野生啤酒花质量的重要指标, 田间试验相关分析表明: 产量分别与百花重、单蔓果穗数、最长节间长、单果穗重、主蔓长、果穗长具显著的正相关。百花重、单蔓果穗数、单果穗重三者的乘积作为生育指数, 可估测翌年的产量, 一般当年生育指数愈高, 翌年的产量也愈高, 反之, 就低。在进行性状选择时, 不能只考虑这 6 个性状。还应考虑其它性状与这 6 个主要因素的相关性, 为选育性状提供方便。如: 侧蔓数、茎粗、叶面积可以作为早期性状选择的指标。

该研究中, SSR 检测到的多态位点比率为 100%, 检测到每个位点的等位基因数平均为 1.5 比 Murakami (2006) 的 1.57 稍低, 比 Jakse (2001) 的 1.47、Natasja Stajner (2008) 的 1.08 要高。这反映出新疆野生啤酒花具有较丰富的遗传多样性。2005 年, 原俊凤使用 RAPD 标记研究了新疆野生啤酒花的遗传多样性, 两种标记所得结果基本一致。啤酒花较高的遗传多样性是由其生物学特性决定的, 啤酒花为多年生草本植物, 风媒传粉, 异交为主, 这些特性都有利于物种遗传变异的维持与增加^[9]。由 Shannon 平均多样性指数(0.2700)及居群内的遗传多样性占总的居群遗传多样性 64.05%, 表明啤酒花居群的大部分分子变异存在于啤酒花居群内。居群内较大的遗传变异反映出个体的广泛适应性和对环境变化具有缓冲作用的发育灵活性, 使其在很不相同的环境中得以生存和繁殖, 这为啤酒花种质资源利用提供了广泛的选择基础。SSR 遗传距离高于同一物种的地区居群间的 D 值, 与种间遗传距离的 D 值范围相一致, 表明 7 个啤酒花居群存在着遗传分化。地理隔离往往在居群分化中起着很重要的作用。但从基因聚类分析来看, 啤酒花各居群的遗传距离、地理距离之间不太一致, 说明野生啤酒花各居群间所处微环境差异较大, 因此空

间距离在啤酒花居群的遗传分化中没有起到重要作用。

在新疆野生啤酒花种质资源的收集、整理、评价研究中, 形态学指标是一类重要的数据资料, 积累相关的形态学资料是应用分子生物学技术加速啤酒花种质改良的基础。同时, 由于分子标记遗传位点多, 多态性高, 已成为理想的标记方式^[10-12]。该研究采用形态学指标与分子标记所进行的聚类分析表明, 形态学聚类结果与分子聚类结果既有重叠, 又有不同。产生这种结果的原因可能是因为形态学聚类的原始数据随环境不同易出现变化, 而且在数据采集过程中人为因素也会产生一些干扰。因此有些情况下形态学标记并不能完全真实反映物种的遗传多样性。分子标记是以整个基因组为研究对象, 不受环境影响, 相对比较稳定, 因此形态与分子聚类结果不可能完全吻合。但分子标记与形态特征具有的相关性, 可以辅助选择用于啤酒花种质资源评价的形态学指标分析。在该研究中, 已发现相当一部分形态性状与遗传多样性指标具有相关性, 进一步验证了它在啤酒花种质遗传评估研究中的重要作用。

参考文献

[1] 张秀实, 吴征镒. 中国植物志[M]. 23 卷. 北京: 科学出版社, 1998.
[2] 原俊凤, 张霞, 王绍明. 新疆野生啤酒花资源调查简报[J]. 兰州大学学报(自然科学版), 2004, 40(专辑): 381-382.
[3] 原俊凤, 张霞, 王绍明. 新疆野生啤酒花群体遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 干旱区研究, 2006, 23(5): 62-67.
[4] Jakse J, Kindlhofer K, Javornik B. Assessment of genetic variation and differentiation of hop (*Humulus lupulus* L.) genotypes by microsatellite and AFLP markers[J]. Genome, 2001, 44: 773-782.
[5] Jakse J, Satovic Z, Javornik B. Microsatellite variability among wild and cultivated hops (*Humulu lupulus* L.) [J]. Genome, 2004, 47: 889-899.
[6] Stajner N, Jakse J, Kozjak P, et al. The isolation and characterisation of microsatellites in hop (*Humulus lupulus* L.) [J]. Plant Sci, 2005, 168: 213-221.
[7] Murakami A, Darby P, Javornik B, et al. Microsatellite DNA analysis of wild hops *Humulus lupulus* L. [J]. Genet Resour Crop Evol, 2006, 53:

1553-1562.

[8] Stajner N, Satovic Z, Cerenak A, et al. Genetic structure and differentiation in hop (*Humulus lupulus* L.) as inferred from microsatellites[J]. *Eu-phytica*, 2008, 161: 301-311.

[9] 原俊凤. 新疆野生啤酒花遗传多样性研究[D]. 石河子大学硕士学位论, 2005.

[10] 李可峰, 韩太利, 董贵俊, 等. 用形态与分子标记研究石刁柏种质资源遗传多样性[J]. *植物遗传资源学报*, 2006, 7(1): 59-65.

[11] 孙群, 佟汉文, 吴波, 等. 不同种源乌拉尔甘草形态和 ISSR 遗传多样性研究[J]. *植物遗传资源学报*, 2007, 8(1): 56-63.

[12] 张锦, 丁毅. 基于 AFLP 标记的中国西藏近缘野生大麦遗传多样性分析[J]. *遗传*, 2007, 29(6): 725-730.

The Comparison of Morphological and SSR Markers on Genetic Diversity of Wild Hops (*Humulus Lupulus* L.) in Xinjiang

LIU Hai-ying, ZHANG Xia, YUAN Jun-feng, WANG Fang, WANG Ji, WANG Shao-ming
(College of Life Science, Shihezi University, Shihezi, Xinjiang 832003, China)

Abstract: SSR and morphological analysis were carried out on wild hop in Xinjiang. The result showed that there were significant or very significant correlation between yield and 100 cone weight, number of cones per vine, the longest inter-node length, average cone weight, the height of main vine, the length of cone. They varied at the same trend. Above the six traits were essential ingredient in affecting yield. Wild hops of Xinjiang were clustered to three groups by morphological analysis. In addition, they were analyzed by using SSR method. Three pairs primers, with producing polymorphic and informative bands, were screened from seven primers. In the whole populations, average number of alleles A and effective number of alleles(Ne) were 1.500 and 1.2910 respectively. Nei diversity index(h) was 0.1741. The mean of Shannon's index ation was 0.2597. The genetic distance varied from 0.0197 to 0.3152. By cluster analysis based on SSR markers using UPGMA, seven populations were divided into 2 major groups. It showed that there was higher genetic diversity in wild hop of Xinjiang. By the correlation analysis of morphological characters and genetic diversity index. It was found that the whole growing period, the seed rate, the type number of leave cleavage, the main number of leave cleavage, length of leave, number of cones per vine were related to the genetic diversity index.

Key words: Xinjiang; Wild hops; SSR; Morphological markers; Genetic diversity

春季保健养阳

春天是一年中最美好的季节,也是旧病易发的季节。

1 春日养阳重在养肝

阳春三月是阳气升发万物萌芽的时节,人是自然之子,与春之阳气相应,机体代谢旺盛,故历代养生学家提出“春宜养阳”。根据中医的五行学说,肝属木,应春阳升发之令,似杨柳般喜条达疏泄而恶抑郁。因此,在养阳之中重在养肝,关键一条是调节情志。就是要驾驭和调控好自己的喜、怒、忧、思、悲、恐、惊七情,如果思虑过度,忧愁不解,就会影响肝气的疏泄条达,使体内的气机升降运行失调,阴阳气血脏腑功能紊乱而导致疾病丛生。特别是素有精神病、肝病、高血压等病的患者,若不注意情志养生,极易引起旧病复发加重。

2 春日养阳宜常锻炼

春天,冰雪消融,万木吐翠,柳绿桃红,正是采纳自然之气养阳的好时机,而运动则是养阳的好方法。《黄帝内经》中说:“春三月,此谓发陈,天地俱生,万物以荣,夜卧早起,广步于庭,披发缓形,以使志生”。人们应根据自身体质,选择适宜的锻炼项目。清晨、傍晚及节假日,可漫步于芳草小径,舞拳弄剑于河畔林间,或去郊外踏青问柳,游山戏水,赏花行歌,登高望远,神悠悠,思悠悠,身心融入大自然之中,人天合一,无形之中增强了心身健康。

3 春日养阳饮食宜淡

春天,在饮食上宜选用利于升发阳气又清淡可口富有营养的甘、辛、温之品,如黄豆芽、绿豆芽、柑橘、葱、蒜、香菜、蜂蜜等,常吃些新鲜蔬菜和野菜,如春笋、菠菜、韭菜、香椿、荠菜、柳芽等,有利于促使体内积热的散发。忌吃油腻、生冷、粘硬食物,以免伤及脾胃。对属于过敏体质者,应禁食羊肉、

蟹等含异性蛋白的刺激性食物,防止发生过敏反应。

4 春日养阳顺应气候

民间有“二月休把棉衣撤,三月还有梨花雪”。“春天孩儿面,一天变三变”的谚语,道出了早春乍暖乍寒,说变就变,常有寒潮侵袭的气候特点。所以要顺应气候来防寒保暖,不使阳气受遏。《寿亲养老新书》中说:“春季天气渐暖,衣服宜渐减,不可顿减,使人受寒”。《摄生消息论》也说:“春季天气寒暖不一,不可顿去棉衣,老人气弱骨质疏松体怯,风冷易伤腠理,时备薄衣,温暖易之,一重渐减一重,不可暴去”。这一科学的防寒保暖方法,有利于维护人体阳气,“正气存内,邪不可干”。能有效地抵御寒邪的侵袭,预防春季呼吸道传染病,特别是患有心脑血管病、糖尿病的中老年人,更应根据天气预报来调节衣着,保暖以养阳,防范中风、急性心肌梗死的发生。