

· 研究报告 ·

## 基于SSR分子标记的酸浆属植物亲缘关系研究

朱宇佳<sup>1</sup>, 焦凯丽<sup>1</sup>, 罗秀俊<sup>1</sup>, 冯尚国<sup>1, 2\*</sup>, 王慧中<sup>1, 2\*</sup>

<sup>1</sup>杭州师范大学生命与环境科学学院, 浙江省药用植物种质改良和质量监控重点实验室, 杭州 311121

<sup>2</sup>湖南农业大学生物科学技术学院, 长沙 410128

**摘要** 近年来, 由于营养价值高、果实可当水果食用且具有潜在的药用价值, 酸浆属(*Physalis*)植物在全球范围内受到了越来越多的关注。采用SSR分子标记技术对我国范围内主要分布的4种酸浆属植物的22份样品进行了亲缘关系研究, 结果表明, 20对SSR引物共扩增出118个位点, 其中107个(90.7%)为多态性位点; 平均种间遗传相似系数为0.501。UPGMA聚类 and PCoA分析结果得出相似结论, 并且将供试酸浆属植物样品分为两大类。其中, 酸浆(*P. alkekengi* var. *francheti*)的所有样品与其它酸浆属植物的遗传距离最远, 单独聚为一类, 与前人的研究结果非常吻合。研究表明, SSR标记遗传信息丰富, 可以用于酸浆属植物的亲缘关系分析。研究结果为酸浆属种质资源保护提供了有效信息, 并且为酸浆属植物的分子辅助育种奠定了重要基础。

**关键词** 酸浆属, 亲缘关系, SSR分子标记

朱宇佳, 焦凯丽, 罗秀俊, 冯尚国, 王慧中 (2018). 基于SSR分子标记的酸浆属植物亲缘关系研究. 植物学报 53, 305–312.

酸浆属(*Physalis*)是茄科(Solanaceae)中一个非常重要的属, 为一年生或多年生草本植物。全球酸浆属植物共约75–120种, 大多分布于美洲热带及温带地区, 少数分布于欧亚大陆及东南亚(中国科学院中国植物志编辑委员会, 1978; Maggie and Manos, 2005; Wei et al., 2012)。该属在我国主要分布于华东、华中、华南及西南等地, 常生于海拔500–1 500 m的山谷林下及村边路旁。据《中国植物志》记载, 分布于我国的酸浆属植物主要有5种和2个变种。大多数酸浆属植物具有抗氧化、抗炎及抗癌等多种药理活性(Ding et al., 2014; 杨金颖等, 2014; Zhang and Tong, 2016), 其果、根或全草可入药, 常用来治疗疟疾、风湿、肝炎、哮喘及癌症等疾病(许亮等, 2009; 国家药典委员会, 2015; Xu et al., 2016)。其中, 酸浆(*P. alkekengi* var. *francheti*), 又名锦灯笼、挂金灯, 被《中华人民共和国药典》(2015年版)收录。另外, 苦蕒(*P. angulata*)、小酸浆(*P. minima*)和毛酸浆(*P. pubescens*)等在很多中药材地方志中也都有记载。除此之外, 大部分酸浆属植物富含多种维生素, 可以用来做罐头、饮料、蜜饯或直接食用的“本草水果”(孙海涛和高玉超, 2013; 王晓英等, 2014; 郭瑜等,

2017; 王赢等, 2017)。

酸浆属植物的遗传关系评价是开展酸浆属植物品种选育及资源保护的重要基础工作, DNA分子标记技术在其中扮演了重要角色。虽然近年来酸浆属植物的大部分研究主要集中在植物化学和药理特性方面(Ji et al., 2013; 贾远敏等, 2013; Ding et al., 2014; Li et al., 2014; 骆丽萍等, 2015; Yang et al., 2016; Zhang and Tong, 2016; Sun et al., 2017), 但还有一些DNA分子标记技术, 如ISSR、SNPs、ITS、*ndhF*、*trnLF*和*psbA-trnH*等已经应用于酸浆属植物的遗传多样性分析、系统发育评价以及种质资源鉴定等(Maggie and Manos, 2005; Olmstead et al., 2008; Garzon-Martínez et al., 2015; Zamora-Tavares et al., 2015; Feng et al., 2016b, 2018)。

SSR分子标记技术是基于简单重复序列(simple sequence repeats, SSR)开发的分子标记。根据简单重复序列两侧的保守序列设计引物, 通过检测重复数目的差异反映等位基因间的多态性。由于SSR分子标记在真核生物基因组中分布广泛、数量丰富、类型多样且具有稳定性好、操作简便及共显性等优点, 目前该技术被认为是进行植物遗传研究最理想的分子标记之一(Feng

收稿日期: 2018-01-28; 接受日期: 2018-05-09

基金项目: 国家自然科学基金(No.31470407)、浙江省科技计划(No.2014C32090)和杭州市科技局项目(No.20150932H04, No.20150932H03)

\* 通讯作者。E-mail: shangguo007@126.com; whz62@163.com

et al., 2016a)。本研究采用SSR分子标记对4种酸浆属植物的22份材料进行亲缘关系分析,为酸浆属植物的有效利用、资源保护及种质创新奠定重要基础。

1 材料与方法

1.1 实验材料

本实验采用主要分布于我国范围内的4种酸浆属植物苦蕒(*Physalis angulata* L.)、小酸浆(*P. minima* L.)、酸浆(*P. alkekengi* var. *francheti* (Mast.))和毛酸浆(*P. pubescens* L.)的22个样品,样本的具体信息见表1。所有植物样品均由植物学家王慧中教授鉴定确认;同时,将所有样品与中国科学院植物研究所植物标本馆网站(<http://www.nhpe.org>)上的标本做对比,进一步确保样品材料的准确性。

1.2 DNA提取

剪取供试样品新鲜叶片100 mg放入研钵,立即加入液氮快速研磨至粉末。然后,利用植物Ezup柱式基因

组DNA抽提试剂盒(生工生物工程(上海)股份有限公司, Cat No.SK8262)提取植物总DNA,具体步骤参考试剂盒使用说明书。利用1.0%琼脂糖凝胶对样品DNA进行电泳检测,同时利用紫外分光光度计检测DNA浓度。将样品DNA浓度稀释至50 ng·μL<sup>-1</sup>,置于-20°C冰箱保存备用。

1.3 引物筛选

参考Simbaqueba等(2011)的研究方法,共合成SSR引物30对。通过引物筛选,选出20对多态性高、稳定性好且扩增条带清晰的引物进行后续实验。

1.4 PCR扩增及产物检测

SSR-PCR反应体系总体积为20 μL,包括2 μL 10×PCR缓冲液(100 mmol·L<sup>-1</sup> Tris-HCl, 100 mmol·L<sup>-1</sup> (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, 100 mmol·L<sup>-1</sup> KCl, 1% Triton X-100, pH8.8), 2 μL MgCl<sub>2</sub> (20 mmol·L<sup>-1</sup>), 0.4 μL dNTPs (10 mmol·L<sup>-1</sup>), 上、下游引物(10 μmol·L<sup>-1</sup>)各1 μL, 普通Taq酶1 U, 模板基因组DNA 50 ng。SSR-PCR

表1 供试的22份酸浆属植物样本材料

Table 1 Twenty-two *Physalis* samples tested in this experiment

No.	Species name	Code	Origin
1	<i>Physalis minima</i>	XSJ1	Qianxi, Tangshan, Hebei
2	<i>P. minima</i>	XSJ2	Mudan, Heze, Shandong
3	<i>P. minima</i>	XSJ3	Lou'an, Anhui
4	<i>P. minima</i>	XSJ4	Lishui, Zhejiang
5	<i>P. angulata</i>	KZ1	Jiangan, Hangzhou, Zhejiang
6	<i>P. angulata</i>	KZ2	Xiaoshan, Hangzhou, Zhejiang
7	<i>P. angulata</i>	KZ3	Luotian, Huanggang, Hubei
8	<i>P. angulata</i>	KZ4	Honghe, Yunnan
9	<i>P. angulata</i>	KZ5	Najing, Jiangsu
10	<i>P. angulata</i>	KZ6	Linhai, Taizhou, Zhejiang
11	<i>P. angulata</i>	KZ7	Wenzhou, Zhejiang
12	<i>P. angulata</i>	KZ8	Pujiang, Jinhua, Zhejiang
13	<i>P. angulata</i>	KZ9	Xiajin, Dezhou, Shandong
14	<i>P. alkekengi</i> var. <i>francheti</i>	SJ1	Faku, Shenyang, Liaoning
15	<i>P. alkekengi</i> var. <i>francheti</i>	SJ2	Donggang, Dandong, Liaoning
16	<i>P. alkekengi</i> var. <i>francheti</i>	SJ3	Nong'an, Changchun, Jilin
17	<i>P. alkekengi</i> var. <i>francheti</i>	SJ4	Zoucheng, Jinan, Shandong
18	<i>P. pubescens</i>	MSJ1	Faku, Shenyang, Liaoning
19	<i>P. pubescens</i>	MSJ2	Nong'an, Changchun, Jilin
20	<i>P. pubescens</i>	MSJ3	Chaoyang, Zhaodong, Heilongjiang
21	<i>P. pubescens</i>	MSJ4	Mudanjiang, Heilongjiang
22	<i>P. pubescens</i>	MSJ5	Hulunbeir, Inner Mongolia

扩增程序为: 94℃预变性5分钟; 35个循环(94℃变性40秒, 引物 $T_m$ 值温度退火40秒, 72℃延伸1分30秒); 72℃延伸10分钟。采用浓度为8%的非变性聚丙烯酰胺凝胶对PCR产物进行电泳检测, 并用银染法染色后拍照记录。

## 1.5 数据统计分析

利用Quantity one软件(Version 4.6.2)及人工辅助判读的方法进行电泳图携带。为了保证结果的准确性, 每对引物进行2次重复PCR扩增和电泳检测, 并只统计清晰度高且稳定性好的电泳位点。同一位点有条带记作1, 无条带记作0。将整理好的0/1原始矩阵数据输入NTSYS-pc 2.10e软件(Rohlf, 2000), 计算样品间的遗传相似系数(simple matching coefficient, SM) (Nei and Li, 1979), 并基于非加权组平均法(unweighted pair group method with an arithmetic mean, UPGMA)进行聚类分析。另外, 运用NTSYSpc 2.10e软件中的Dcenter及Eigen程序进行主坐标分析(principal coordinate analysis, PCoA) (Gower, 1966)。

## 2 结果与讨论

### 2.1 SSR多态性分析

20对SSR引物共扩增出118个可靠的电泳位点, 每对引物扩增出的电泳条带数分布于2–11之间, 每对引物平均扩增出5.9个位点(表2)。在所有电泳条带中, 107个条带是多态性位点, 每条引物扩增出的多态性位点数分布于2–11之间, 平均每对引物扩增出5.4个多态性位点。每对引物的多态性比例分布于75.0%–100.0%之间, 平均多态性百分比为90.7%。引物SSR55和SSR112的电泳检测结果见图1。

### 2.2 遗传相似性分析

遗传相似性分析(表3)表明, 供试的酸浆属植物种间遗传相似系数分布于0.382–0.600之间, 平均种间相似系数为0.501。其中, 小酸浆和苦藨之间的遗传相似度最大(0.600), 毛酸浆和酸浆之间的遗传相似系数最小(0.382)。

### 2.3 聚类分析

基于SM遗传相似系数矩阵, 用UPGMA法对所有供

试样品进行聚类分析(图2)。从图2可以看出, 在遗传相似系数为0.420处, 可以将22份供试样品归为2大类: I组和II组。其中, I组比较复杂, 包括了毛酸浆、苦藨和小酸浆的所有样品, I组又可以分为I-1、I-2和I-3共3个亚组, 分别包括了上述3个酸浆属物种的所有供试样本。酸浆的所有供试样品则远离其它酸浆属植物样品, 单独构成II组。

### 2.4 主坐标分析

利用NTSYS-pc 2.10e软件对供试样品进行PCoA分析。22个样品的二维主坐标分析结果如图3所示, 前2个主坐标分别揭示总遗传变异的24.3%和23.9%, 累计可揭示总变异的48.2%。主坐标分析结果与UPGMA聚类分析结果基本一致, 并且直观地呈现了各个酸浆属物种间的亲缘关系。结果显示, 22个供试样品同样可以分为2大类, 同一个物种的样本倾向于集中在同一个空间区域。

### 2.5 讨论

与RAPD和ISSR等表现为显性类型的分子标记相比, SSR标记是共显性分子标记, 因此, 更能准确地揭示物种之间的亲缘关系。近年来, SSR分子标记已经成功应用于许多植物的亲缘关系研究(Wei et al., 2012; Teshome et al., 2015; Wang et al., 2015; Feng et al., 2016a)。Simbaqueba等(2011)基于秘鲁苦藨(*P. peruviana*)的转录组数据开发出一批可用于秘鲁苦藨分子鉴定及遗传多样性研究的SSR标记。本研究表明, 66.7% (20/30)的秘鲁苦藨SSR标记可以有效用于苦藨、小酸浆、酸浆及毛酸浆的遗传关系研究(表2)。另有结果显示, 90.7% (107/118)的SSR扩增条带是多态性条带, 高于甘草属(*Glycyrrhiza*)植物中SSR分子标记的多态性(89.44%) (李晓岚等, 2015), 以及芹菜(*Apium graveolens*)栽培品种中的SSR多态性比例(53.85%) (Fu et al., 2014)。由此可见, 本研究筛选出来的20对SSR分子标记引物在酸浆属内具有很好的适用性, 可以用于该属植物之间的亲缘关系研究。

准确评价不同植物物种之间的亲缘关系是植物分子育种和资源保护的重要基础。由于酸浆属植物种间的形态学性状非常相似, 多年来酸浆属植物的鉴定和分类被认为是茄科植物中非常困难的科学挑战(Maggie and Manos, 2005; Wei et al., 2012; Feng

表2 20对简单重复序列(SSR)引物的扩增结果及多态性信息

Table 2 Amplification results and polymorphism information of 20 simple sequence repeats (SSR) primer pairs

Primer name	Primer sequence (5'-3')	Repeat type	T <sub>m</sub>	No. of loci	Polymorphic loci	Polymorphism rate (%)
SSR2	F: CATTGGGTTTCGCATCCAT R: AGACAAGCCTAGGGGAAAGG	AG	60	6	6	100.0
SSR9	F: TGCTCCGAGTTTATAGGTTTC R: GCAGTTGGTAAAGTTGAGAGACG	AG	60	8	7	87.5
SSR10	F: GCTTCCTATTGTGTGCCTGA R: ACTTTGGGTTTCGGGAATTG	AT	58	5	4	80.0
SSR11	F: CAGCTGAAATAAGAGAGTGATTGG R: CCCTCTTTTCTCCTCCGAGT	AG	57	4	3	75.0
SSR13	F: GCGGAATCCATTGTTTTTCA R: CCGATGGAGTATAGTCACGCAAA	AC	58	9	8	88.9
SSR15	F: GCTTGTGATCAGCTTTCTTTG R: TGGATCATAACCTTGCTAATGC	AT	57	7	6	85.7
SSR36	F: ATGAACCACATGTCGGAGGA R: GGGGATCCAAACGAAGTGTA	AG	58	7	6	85.7
SSR54	F: CGGCTGGTATGCTTACAAAGAT R: GCACTTCCACTGTTTTTAAC TTCC	AC	58	4	4	100.0
SSR55	F: CACCTACATAGGCAGCCAAAA R: ATTTGTGGGCGGAGGAAG	AG	58	7	6	85.7
SSR57	F: AGTGAAAAGCAGCCCATTCT R: GGCGAAGCTGAATTGAAAAA	AT	56	9	8	88.9
SSR67	F: GCTTCTGTTCATTATTCACCA R: GCAGTGTGGGATCAATCAAT	AG	56	5	5	100.0
SSR68	F: GAAGCAAACAAC TACACCCAAA R: AAGCCTCGGATTCATAGCA	AG	56	8	8	100.0
SSR77	F: CATACCATAACTCCCCATCTCTC R: TGCCGATTCTGATTTCTTCC	AG	57	4	3	75.0
SSR92	F: TGGTTTGAGGATCAAGAAAGAA R: GTGGTATCAACGCAGAGTGG	AAG	56	5	4	80.0
SSR107	F: CATCCAACACCAGAAATACGC R: TCCAACTTTATCATTCTTCCAC	AAG	58	4	4	100.0
SSR110	F: CACCCATATCCCAATCTTCTTC R: GGGTAATTTTCACGGGGAAT	CTT	60	4	4	100.0
SSR112	F: CTACGCCTACCACTTGCACA R: CAGTGGAAGCCTCAAGATCC	TCT	60	11	11	100.0
SSR118	F: AATCAAGGGTCAGAAGAAATGG R: GCAAGAATGGATGTGGGTGT	ATC	58	2	2	100.0
SSR123	F: TCAGTGGAGCGGTATATCT R: GCGATCTCACCAAACCTCTC	ATC	60	5	5	100.0
SSR127	F: TTGGTTTGGCATAACTGCAA R: GGTTTGCAACTCTCATGCTG	AAT	58	4	3	75.0
Average	—	—	—	5.9	5.4	90.4
Total	—	—	—	118	107	—

et al., 2016b)。本研究中，供试的4种酸浆属植物分别属于2个亚属(Maggie and Manos, 2005; Feng et al., 2016b)。其中，苦蕒和毛酸浆分别属于*Rydbergis*亚

属的*Angulatae*组和*Epeteiorhiza*组，小酸浆同样属于*Rydbergis*亚属，但是没有组级别报道；与其它3种酸浆属植物不同，酸浆属于*Physalis*亚属。从UPGMA



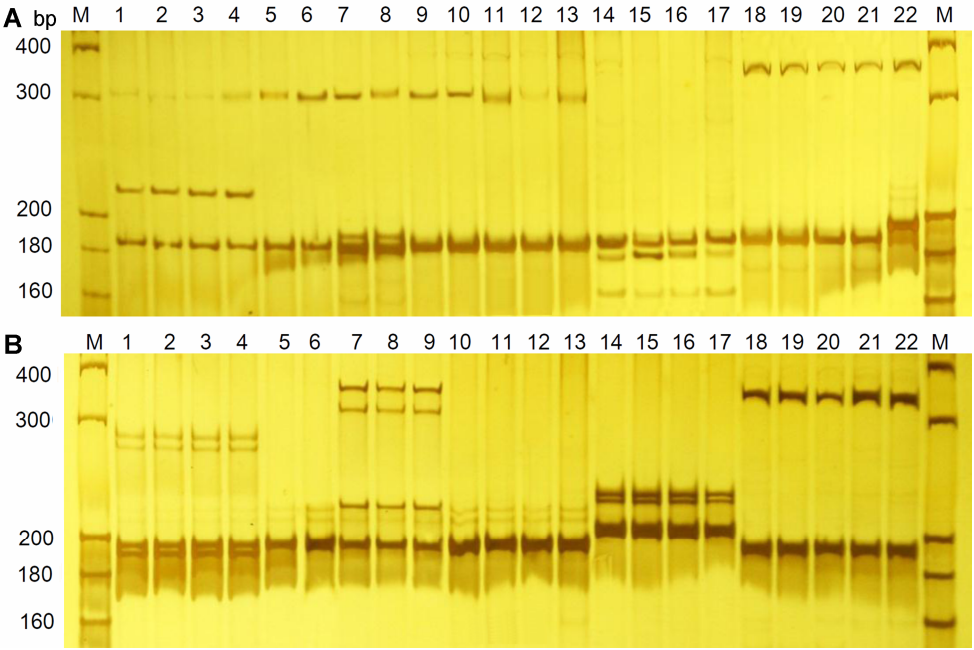


图1 引物SSR55 (A)和SSR112 (B)在酸浆属植物中的电泳检测结果  
M: DNA分子标准。泳道1-22: 22个酸浆属样品(编号同表1)

Figure 1 Amplification profile of primer SSR55 (A) and SSR112 (B) in *Physalis* samples  
M: DNA molecular standards. Lane 1-22: The 22 *Physalis* samples (sample number is the same as in Table 1).

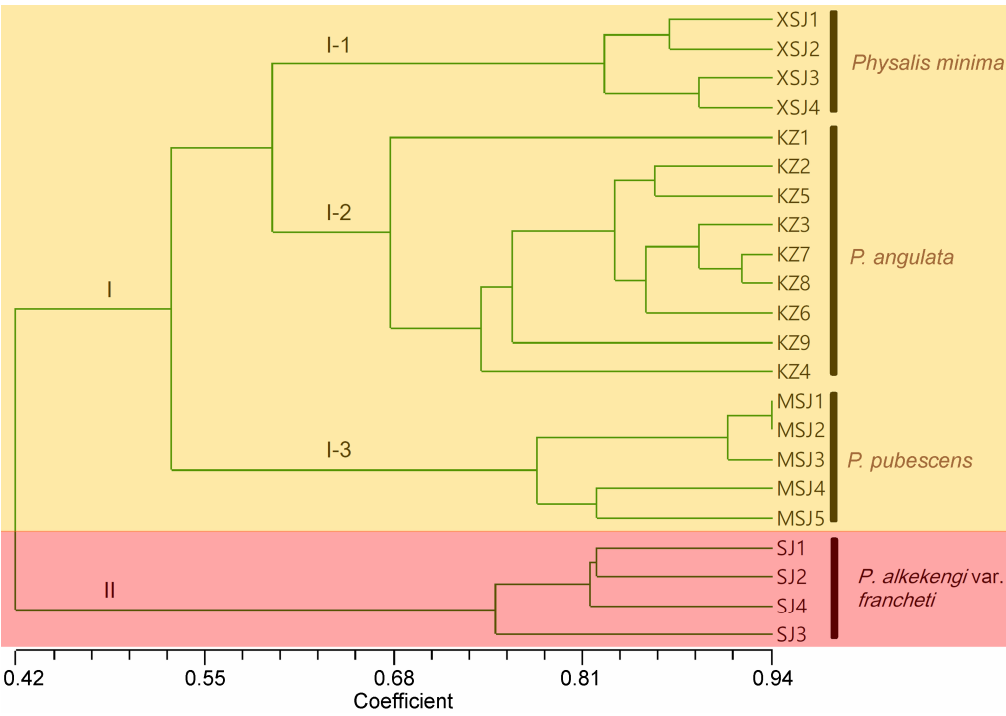


图2 4种酸浆属植物22份样品的简单重复序列(SSR)聚类树

Figure 2 UPGMA dendrogram for 22 samples of 4 *Physalis* species based on simple sequence repeats (SSR) markers

表3 酸浆属植物平均种间遗传相似系数

Table 3 Average interspecies genetic similarity coefficient in *Physalis* samples

Measurement	Similarity coefficient
Average interspecies genetic similarity coefficient	0.501±0.074
<i>P. angulata</i> vs <i>P. minima</i>	0.600±0.042
<i>P. alkekengi</i> var. <i>francheti</i> vs <i>P. minima</i>	0.437±0.036
<i>P. pubescens</i> vs <i>P. minima</i>	0.570±0.037
<i>P. angulata</i> vs <i>P. alkekengi</i> var. <i>francheti</i>	0.444±0.044
<i>P. angulata</i> vs <i>P. pubescens</i>	0.514±0.043
<i>P. pubescens</i> vs <i>P. alkekengi</i> var. <i>francheti</i>	0.382±0.040

聚类 and PCoA 分析结果来看, 来自同一种酸浆属植物的所有样本被聚类在一起。供试酸浆属样品分为2大类(I和II), 其中, 来自 *Rydbergis* 亚属的苦蕒、毛酸浆

和小酸浆被归为I类; 来自 *Physalis* 亚属的酸浆则远离其它酸浆属植物, 单独聚类为II类。我们之前的研究表明, 许多酸浆属植物在系统演化过程中的表现并不是单源进化。此外, 我们的研究同样发现酸浆与其它酸浆属植物的遗传关系较远(Feng et al., 2016b, 2018)。Maggie和Manos (2005)研究认为, 酸浆是一种非典型的酸浆属植物, 应该单独列为一个亚属。依据Axelius (1996)关于酸浆属植物的形态学分类方法, 本研究中的苦蕒、毛酸浆和小酸浆属于 *Rydbergis* 亚属, 而酸浆属于 *Physalis* 亚属。酸浆是目前唯一被《中华人民共和国药典》(2015版)收录的酸浆属药用植物, 其分类归属问题一直以来是分类学家关注的焦点。本研究则在很大程度上与Axelius (1996)以及Maggie和Manos (2005)的研究结论一致, 表明SSR分子标记在酸浆属植物亲缘关系评价中具有较好的应用性。

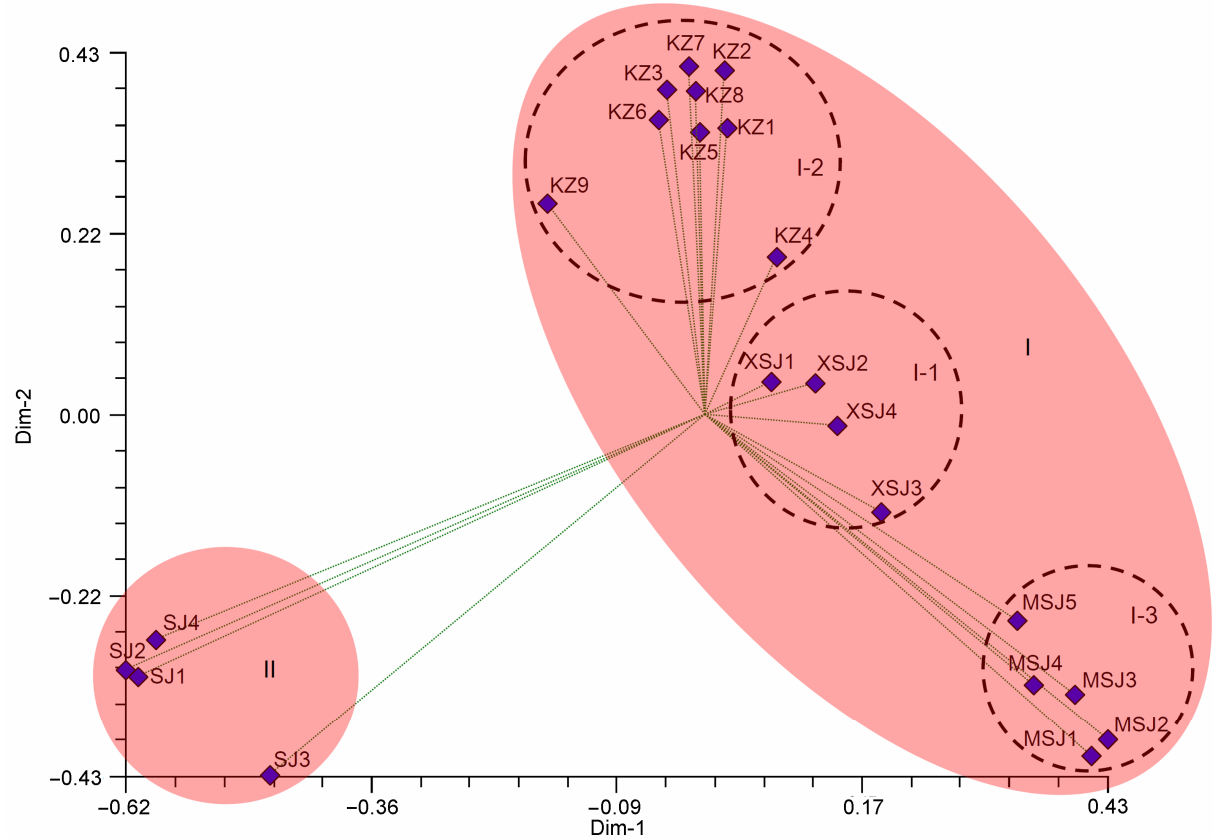


图3 基于简单重复序列(SSR)标记的22份酸浆属植物样品二维主坐标分析  
编码同表1。

Figure 3 The analysis of PCoA for 22 *Physalis* samples based on simple sequence repeats (SSR) markers along the first two principal axes  
The codes are the same as in Table 1.

综上所述, 本研究结果表明, SSR是一种稳定性好且多态性高的分子标记, 可以很好地用于供试酸浆属植物的亲缘关系研究。研究结果为分布在我国的酸浆属植物的合理利用、种质评价和资源保护奠定了重要基础。在后续研究中, 我们将收集更多的酸浆属植物, 以评价SSR分子标记在更多酸浆属植物研究中的适用性。

## 参考文献

- 国家药典委员会 (2015). 中华人民共和国药典(一部). 北京: 中国医药科技出版社. pp. 360–361.
- 郭瑜, 吴东栋, 任志远, 王晓闻, 郭峰 (2017). 酸浆悬浮饮料的研制. 食品研究与开发 **38**(15), 89–92.
- 贾远敏, 陈重, 许琼明, 李笑然, 杨世林 (2013). 毛酸浆浆果的化学成分研究. 中草药 **9**, 1086–1090.
- 李晓岚, 陆嘉惠, 谢良碧, 张爱霞, 陈晓翠, 李学禹 (2015). 4种甘草属植物EST-SSR引物开发及其亲缘关系分析. 西北植物学报 **35**, 480–485.
- 骆丽萍, 成凡钦, 季龙, 虞和永 (2015). 毛酸浆的化学成分研究. 中国中药杂志 **22**, 4424–4427.
- 孙海涛, 高玉超 (2013). 毛酸浆番茄复合调味酱的研制. 中国调味品 **38**(12), 58–59, 67.
- 王晓英, 刘长姣, 段连海, 霍岩 (2014). 毛酸浆开发利用的研究进展. 中国酿造 **2**, 5–8.
- 王赢, 朱丹, 牛广财, 郑唯, 魏文毅, 刘鑫 (2017). 毛酸浆发酵果脯的研制. 中国酿造 **36**(8), 182–185.
- 许亮, 王荣祥, 杨燕云, 王冰 (2009). 中国酸浆属植物药用资源研究. 中国野生植物资源 **28**, 21–23.
- 杨金颖, 杨德草, 李津津 (2014). 酸浆的药理作用研究进展. 内蒙古中医药 **33**(25), 116–117.
- 中国科学院中国植物志编辑委员会 (1978). 中国植物志(第67卷). 北京: 科学出版社. pp. 50.
- Axelius B (1996). The phylogenetic relationships of the physaloid genera (Solanaceae) based on morphological data. *Am J Bot* **83**, 118–124.
- Ding H, Hu ZJ, Yu LY, Ma ZY, Ma XQ, Chen Z, Wang D, Zhao XF (2014). Induction of quinone reductase (QR) by withanolides isolated from *Physalis angulata* L. var. *villosa* Bonati (Solanaceae). *Steroids* **86**, 32–38.
- Feng SG, He RF, Lu JJ, Jiang MY, Shen XY, Jiang Y, Wang ZA, Wang HZ (2016a). Development of SSR markers and assessment of genetic diversity in medicinal *Chrysanthemum morifolium* cultivars. *Front Genet* **7**, 113.
- Feng SG, Jiang MY, Shi YJ, Jiao KL, Shen CJ, Lu JJ, Ying QC, Wang HZ (2016b). Application of the ribosomal DNA ITS2 region of *Physalis* (Solanaceae): DNA barcoding and phylogenetic study. *Front Plant Sci* **7**, 1047.
- Feng SG, Jiao KL, Zhu YJ, Wang HF, Jiang MY, Wang HZ (2018). Molecular identification of species of *Physalis* (Solanaceae) using a candidate DNA barcode: the chloroplast *psbA-trnH* intergenic region. *Genome* **61**, 15–20.
- Fu N, Wang PY, Liu XD, Shen HL (2014). Use of EST-SSR markers for evaluating genetic diversity and fingerprinting celery (*Apium graveolens* L.) cultivars. *Molecules* **19**, 1939–1955.
- Garzon-Martínez GA, Osorio-Guarín JA, Delgadillo-Duran P, Mayorga F, Enciso-Rodríguez FE, Landsman D, Mariño-Ramírez L, Barrero LS (2015). Genetic diversity and population structure in *Physalis peruviana* and related taxa based on InDels and SNPs derived from COSII and IRG markers. *Plant Gene* **4**, 29–37.
- Gower JC (1966). Some distance properties of latent root and vector methods used in multivariate analysis. *Biometrika* **53**, 325–338.
- Ji L, Yuan YL, Ma ZJ, Chen Z, Gan LS, Ma XQ, Huang DS (2013). Induction of quinone reductase (QR) by withanolides isolated from *Physalis pubescens* L. (Solanaceae). *Steroids* **78**, 860–865.
- Li X, Zhao JP, Yang M, Liu YL, Li ZC, Li RY, Li XR, Li N, Xu QM, Khan IA, Yang SL (2014). Physalins and withanolides from the fruits of *Physalis alkekengi* L. var. *franchetii* (Mast.) Makino and the inhibitory activities against human tumor cells. *Phytochem Lett* **10**, 95–100.
- Maggie WPS, Manos PS (2005). Untangling *Physalis* (Solanaceae) from the physaloids: a two-gene phylogeny of the Physalinae. *Syst Bot* **30**, 216–230.
- Nei M, Li WH (1979). Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc Natl Acad Sci USA* **76**, 5269–5273.
- Olmstead RG, Bohs L, Migid HA, Santiago-Valentin E, Garcia VF, Collier SM (2008). A molecular phylogeny of the Solanaceae. *Taxon* **57**, 1159–1181.
- Rohlf FJ (2000). NTSYS-PC: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.00. Setauket, New York: Exeter Software.
- Simbaqueba J, Sánchez P, Sanchez E, Zarantes VMN, Chacon MI, Barrero LS, Mariño-Ramírez L (2011). Development and characterization of microsatellite markers for the cape gooseberry *Physalis peruviana*. *PLoS One* **6**,

e26719.

Sun CP, Nie XF, Kang N, Zhao F, Chen LX, Qiu F (2017). A new phenol glycoside from *Physalis angulata*. *Nat Prod Res* **31**, 1059–1065.

Teshome A, Bryngelsson T, Dagne K, Geleta M (2015). Assessment of genetic diversity in Ethiopian field pea (*Pisum sativum* L.) accessions with newly developed EST-SSR markers. *BMC Genet* **16**, 102.

Wang F, Yang T, Burlyaeva M, Li L, Jiang JY, Fang L, Redden R, Zong XX (2015). Genetic diversity of grasspea and its relative species revealed by SSR markers. *PLoS One* **10**, e0118542.

Wei JL, Hu XR, Yang JJ, Yang WC (2012). Identification of single-copy orthologous genes between *Physalis* and *Solanum lycopersicum* and analysis of genetic diversity in

*Physalis* using molecular markers. *PLoS One* **7**, e50164.

Xu XM, Guan YZ, Shan SM, Luo JG, Kong LY (2016). Withaphysalin-type withanolides from *Physalis minima*. *Phytochem Lett* **15**, 1–6.

Yang YK, Xie SD, Xu WX, Nian Y, Liu XL, Peng XR, Ding ZT, Qiu MH (2016). Six new physalins from *Physalis alkekengi* var. *franchetii* and their cytotoxicity and antibacterial activity. *Fitoterapia* **112**, 144–152.

Zamora-Tavares P, Vargas-Ponce O, Sanchez-Martínez J, Cabrera-Toledo D (2015). Diversity and genetic structure of the husk tomato (*Physalis philadelphica* Lam.) in Western Mexico. *Genet Res Crop Evol* **62**, 141–153.

Zhang WN, Tong WY (2016). Chemical constituents and biological activities of plants from the genus *Physalis*. *Chem Biodivers* **13**, 48–65.

## Genetic Relationship of *Physalis* Plants Revealed by Simple Sequence Repeat Markers

Yujia Zhu<sup>1</sup>, Kaili Jiao<sup>1</sup>, Xiujun Luo<sup>1</sup>, Shangguo Feng<sup>1,2\*</sup>, Huizhong Wang<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Zhejiang Provincial Key Laboratory for Genetic Improvement and Quality Control of Medicinal Plants, College of Life and Environmental Sciences, Hangzhou Normal University, Hangzhou 311121, China; <sup>2</sup>College of Bioscience & Biotechnology, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China

**Abstract** In recent years, *Physalis* plants have attracted increasing attention worldwide due to their high nutritional value, edible fruit, and potential medicinal value. In this study, simple sequence repeat (SSR) markers were used to assess genetic relationships with 22 samples of four *Physalis* species mainly distributed in China. Twenty SSR primer pairs produced 118 loci, 90.7% (107) of which showed polymorphism. The average interspecies similarity coefficient was 0.501, which indicates a degree of genetic relationship among *Physalis* species. The results of UPGMA dendrography and PCoA plotting were similar, and all *Physalis* samples were grouped into two clusters. All *P. alkekengi* var. *franchetii* samples, distant from any other *Physalis* species, constituted a separate cluster, which confirmed findings of previous studies. This study also indicated that SSR markers are rich in genetic information and could be used to assess the genetic diversity of *Physalis* species which provides rich useful information for protecting the *Physalis* germplasm resource and an important foundation for molecular assisted-breeding programs with *Physalis*.

**Key words** *Physalis*, genetic relationship, SSR markers

Zhu YJ, Jiao KL, Luo XJ, Feng SG, Wang HZ (2018). Genetic relationship of *Physalis* plants revealed by simple sequence repeats markers. *Chin Bull Bot* **53**, 305–312.

\* Authors for correspondence. E-mail: shangguo007@126.com; whz62@163.com

(责任编辑: 朱亚娜)