

曾绍贵, 朱邦彤, 罗木旺, 等. 100 份朝天椒的农艺性状和 SRAP 标记遗传多样性分析[J]. 江苏农业学报, 2018, 34(4): 871-879.
doi:10.3969/j.issn.1000-4440.2018.04.023

100 份朝天椒的农艺性状和 SRAP 标记遗传多样性分析

曾绍贵¹, 朱邦彤¹, 罗木旺², 邱胤晖¹, 罗英¹, 林淑婷¹

(1. 三明市农业科学研究院, 福建 沙县 365509; 2. 沙县农业科学研究所, 福建 沙县 365509)

摘要: 采用形态学标记和 SRAP 分子标记相结合的方法, 对 100 份不同来源的朝天椒(*Capsicum annuum*. L) 材料进行了遗传多样性分析。结果表明: 形态学标记分析中, 11 个农艺性状的变异系数为 18.36% ~ 34.99%, 100 份朝天椒材料在欧式距离 14 处聚为 4 个群组。在 SRAP 分析中, 筛选出的 8 对引物, 共检测到 76 条谱带, 其中 61 条谱带呈多态性, 多态性比率达 80.3%, 材料间相似系数变化范围为 0.77 至 1.00, 100 份朝天椒材料在相似系数为 0.815 处分为 2 群组。SRAP 聚类结果与品种的来源基本一致, 表型聚类结果表现为生态环境相似、地理来源相邻地区的材料遗传关系较近。100 份朝天椒材料遗传多样性丰富, 聚类结果与传统形态学分类结果略有不同。

关键词: 朝天椒; 形态学; SRAP; 聚类分析; 遗传多样性

中图分类号: S641.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2018)04-0871-09

Agronomic characters and genetic diversity analysis of 100 pot pepper with SRAP markers

ZENG Shao-gui¹, ZHU Bang-tong¹, LUO Mu-wang², QIU Yin-hui¹, LUO Ying¹, LIN Shu-ting¹

(1. Sanming Academy of Agricultural Sciences, Shaxian 365509, China; 2. Shaxian Academy of Agricultural Sciences, Shaxian 365509, China)

Abstract: The genetic diversity of 100 kinds of *Capsicum annuum*. L from different countries and regions was analyzed based on the method of morphological marker combined with SRAP molecular marker. The results showed that the coefficient of variation of 11 agronomic traits ranged from 18.36% to 34.99%, and 100 pot pepper were clustered into four groups at the distance of 14. In the analysis of SRAP, eight pairs of primers were screened out, a total of 76 bands were detected and 61 bands were polymorphic. So, the polymorphism rate was 80.3%. The similarity coefficients of materials varied from 0.77 to 1.00. The materials were divided into two groups, when the similarity coefficient was 0.815. The results of SRAP clustering analysis were basically consistent with the origin of the species. The results of phenotypic clustering showed that the genetic relationship among the materials with similar ecological environment and adjacent geographical location was close. The genetic diversity of 100 kinds of *Capsicum annuum*. L. was abundant, and there were differences between clustering results and traditional morphological classification results.

Key words: *Capsicum annuum*. L; morphology; SRAP; cluster analysis; genetic diversity

收稿日期: 2017-11-02

基金项目: 福建省区域发展项目(2016N3201)

作者简介: 曾绍贵(1977-) 男, 本科, 副研究员, 主要从事辣椒良种选育。(E-mail) 504622309@qq.com

通讯作者: 罗英, (E-mail) luoying1966@126.com

朝天椒(*Capsicum annuum*. L) 辣味足、产量较高, 是优良的鲜食和加工蔬菜。朝天椒是按果实着生状态, 对椒果朝天或斜朝天生长这一类群辣椒的统称, 包括分类上辣椒栽培种的 5 个变种: 簇生椒、

圆锥椒(小果型)、长辣椒(短指形)、樱桃椒和灯笼椒^[1]。

种质资源的遗传多样性分析是育种工作中的重要内容,在实际工作中育种家往往凭借经验进行品种的选配,这成为限制育种精准性的重要因素^[2]。在常规育种中,由于育种开展研究时间长和选育技术的同质化及基础育种材料在各育种单位间广泛交换,使得育成品种的相似性很大。应用分子标记可以对种质资源、杂交亲本和后代个体进行大规模的基因型鉴定,构建遗传图谱,并与表型数据建立联系,从而大大提高育种效率和规模。利用分子标记对种质资源进行亲缘关系分析,准确性高、操作简单,在众多大田作物中得到了广泛的应用。马荣丽等^[3]对 225 份类型多样的辣椒资源的 11 个表型性状进行遗传多样性分析。耿广东等^[4]对 92 份辣椒材料的 11 个表型性状进行聚类分析,将一些来源相同或相近的聚在一起。张素勤等^[5]通过对贵州省不同地区的 61 份辣椒种质资源进行表型和 SRAP 分析,以探索贵州辣椒种质的亲缘关系和遗传多样性。许先松等^[6]采用形态学标记与序列相关扩增多态性(SRAP)分子标记相结合的手段,分别对 49 份和 72 份辣椒资源的遗传多样性及亲缘关系进行了分析。

为了提高亲本的选择效率,提高朝天椒新品种选育进程中的预见性和可靠性,在现有的朝天椒种质资源基础上,有必要对其进行进一步拓展。本试验以 100 份朝天椒材料为研究对象,采用 SRAP 标记技术和传统表型聚类分析对朝天椒进行亲缘关系的鉴定,分别从朝天椒的形态差异及起源进化上进行分析,为配制杂交组合、提高新品种选育效率提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验选取的 100 份朝天椒是三明市农业科学研究院蔬菜研究所近年来收集和自主培育的品种,分别来自中国(湖南、河南、福建等)、韩国、印度等主要国家(地区)的特色品种(表 1)。试验于 2016 年 8 月-2017 年 2 月在福建省三明市农业科学研究院蔬菜研究所试验田进行。试验于 2017 年 1 月 15 日按品种单株随机取材,采取新鲜嫩叶,每个品种单株进行 3 次重复,保存-80℃冰箱备用。试验于 2017

年 2 月 20 日分别对 100 份朝天椒具有本品种典型性状的 10 株植株进行主要农艺性状的调查。为保证实验的客观性,所有供试材料采用编号,试验结果统计后才将编号与供试材料名称对应。

1.2 试验方法

1.2.1 主要农艺性状观察记载与朝天椒主要农艺性状表型分析 表型性状调查和数据采集方法参考《植物新品种特异性、一致性和稳定性测试指南——辣椒》^[7]进行,每份材料随机调查记录生长正常植株 10 株,共测量 11 个表型性状(表 2)。

为了揭示各品种性状间的相互关系,为朝天椒新品种选育以及种质资源创新提供参考信息,对收集记载的 100 份朝天椒农艺性状数据,利用 SPSS Statistics 19 软件进行相关系数的计算,主成分分析和数量性状的表型变异分析;利用 Hierarchical cluster 进行分层聚类,构建 100 份朝天椒农艺性状表型层次聚类谱系图。

1.2.2 DNA 提取 采用改良的 CTAB 法提取 100 份朝天椒基因组 DNA。用 1.5% 琼脂糖检测质量,用紫外分光光度计将 DNA 质量浓度标准化为 50 ng/ μ l。

1.2.3 SRAP 反应体系及扩增程序 SRAP-PCR 总反应体积为 20 μ l:2 μ l 10 \times Buffer,0.4 μ l dNTP (10 mmol/L),上下游特异性随机引物组合各 0.5 μ l (50 pmol/ μ l),0.6 μ l Taq DNA 聚合酶(1.5 U/ μ l),1 μ l 模版 DNA (50 ng/ μ l) 和 15.0 μ l 无菌 ddH₂O。SRAP-PCR 反应程序为:94℃条件下预变性 3 min;94℃变性 40 s,56℃退火 30 s,72℃复性 5 min,40 次循环,最后 72℃延伸 8 min,4℃条件下停止反应。

1.2.4 引物筛选 利用表型差异较大的朝天椒材料,进行 SRAP 特异引物组合的筛选,鉴定出条带清晰、多态性高的核心引物进行遗传多样性分析,淘汰扩增效果差、带型不易辨认的引物组合。

1.2.5 数据处理与统计分析 利用 Microsoft Excel 2016 和 Nedit1.2 软件分析相关序列扩增多态性获得的特异条带,对于凝胶电泳图上的某个相同迁移位置上有 DNA 条带赋值为 1,无特异性条带的赋值为 0,缺项赋值为 9。利用 NTsys2.10e 软件,根据 Nei-Li 计算相似系数,按非加权配对算数平均法(UPGMA)进行 SAHN 聚类分析,最后利用 Tree plot 程序生成构建 100 份朝天椒的亲缘关系树状图。

表 1 供试材料编号与名称

Table 1 The number and name of material

编号	亲本名称	亲本来源	类型	编号	亲本名称	亲本来源	亲本类型
1	沙县东门黄朝天椒	福建沙县	单生朝天椒	51	永安青水子弹头	福建永安	单生朝天椒
2	沙县东门红朝天椒	福建沙县	单生朝天椒	52	将乐朝天椒	福建将乐	单生朝天椒
3	沙县大洲大子弹头	福建沙县	单生朝天椒	53	建宁朝天椒	福建建宁	单生朝天椒
4	沙县大洲小子弹头	福建沙县	单生朝天椒	54	清流小米椒	福建清流	单生朝天椒
5	沙县西霞小米辣	福建沙县	单生朝天椒	55	清流指天椒	福建清流	单生朝天椒
6	沙县夏茂朝天椒	福建沙县	单生朝天椒	56	宁化指天椒	福建宁化	单生朝天椒
7	永安朝天黄椒	福建永安	单生朝天椒	57	宁化小米椒	福建宁化	单生朝天椒
8	永安青水朝天椒	福建永安	单生朝天椒	58	宁化治平朝天椒	福建宁化	单生朝天椒
9	大田梅山王中王	福建大田	单生朝天椒	59	宁化曹坊朝天椒	福建宁化	单生朝天椒
10	大田子弹头	福建大田	单生朝天椒	60	宁化安远朝天椒	福建宁化	单生朝天椒
11	大田簇生朝天椒	福建大田	簇生朝天椒	61	湖南汝城小米辣	湖南汝城	单生朝天椒
12	尤溪管前朝天椒	福建尤溪	单生朝天椒	62	贵州朝天椒	贵州遵义	单生朝天椒
13	尤溪簇生朝天椒	福建尤溪	簇生朝天椒	63	韩国朝天椒	韩国	单生朝天椒
14	尤溪小米辣	福建尤溪	单生朝天椒	64	泰国朝天椒	泰国	单生朝天椒
15	尤溪单生朝天椒	福建尤溪	单生朝天椒	65	韩国单生朝天椒	韩国	单生朝天椒
16	尤溪子弹对	福建尤溪	单生朝天椒	66	韩国簇生朝天椒	韩国	簇生朝天椒
17	沙县东部门子弹头	福建沙县	单生朝天椒	67	贵州遵义朝天椒	贵州遵义	单生朝天椒
18	沙县东门朝天黄椒	福建沙县	单生朝天椒	68	贵州遵义小米辣椒	贵州遵义	单生朝天椒
19	河南三鹰椒	河南铁门	簇生朝天椒	69	日本山鹰椒	日本	簇生朝天椒
20	湖南小米辣	湖南衡阳	单生朝天椒	70	河南三鹰椒	河南铁门	簇生朝天椒
21	湖南圆锥椒	湖南衡阳	单生朝天椒	71	河大果三鹰椒	河南铁门	簇生朝天椒
22	湖南朝天黄椒	湖南衡阳	簇生朝天椒	72	河南散生子弹头	河南铁门	单生朝天椒
23	政和朝天椒	福建政和	单生朝天椒	73	安徽朝天椒	安徽亳州	单生朝天椒
24	政和小米辣	福建政和	单生朝天椒	74	高棵簇生子弹头	安徽亳州	簇生朝天椒
25	政和单生朝天椒	福建政和	单生朝天椒	75	安徽簇生子弹头	安徽怀远	簇生朝天椒
26	永安朝天黄椒	福建永安	单生朝天椒	76	安徽樱桃椒	安徽怀远	单生朝天椒
27	永安樱桃椒	福建永安	单生朝天椒	77	安徽圆锥椒	安徽怀远	单生朝天椒
28	永安簇生朝天黄椒	福建永安		78	安徽灯笼椒	安徽怀远	单生朝天椒
29	政和朝天椒	福建政和	单生朝天椒	79	安徽三鹰椒	安徽怀远	簇生朝天椒
30	政和子弹头	福建政和	单生朝天椒	80	河南灯笼椒	河南铁门	单生朝天椒
31	政和小米辣	福建政和	单生朝天椒	81	河南朝天黄椒	河南铁门	单生朝天椒
32	政和朝天椒	福建政和	单生朝天椒	82	河南长辣椒	河南铁门	单生朝天椒
33	海南圆锥椒	海南乐东	单生朝天椒	83	海南单生朝天椒	河南铁门	单生朝天椒
34	海南新一代朝天椒	海南乐东	单生朝天椒	84	河南长辣椒	河南铁门	单生朝天椒
35	屏南朝天椒	福建屏南	单生朝天椒	85	河南樱桃椒	河南铁门	单生朝天椒
36	重庆小米辣椒	重庆长坝	单生朝天椒	86	建瓯朝天椒	福建建瓯	单生朝天椒
37	重庆大果朝天椒	重庆长坝	单生朝天椒	87	建阳簇生朝天黄椒	福建建阳	簇生朝天椒
38	重庆石柱红	重庆长坝	单生朝天椒	88	建阳朝天黄椒	福建建阳	单生朝天椒
39	重庆特辣石柱红	重庆长坝	单生朝天椒	89	建阳圆锥椒	福建建阳	单生朝天椒
40	重庆子弹头	重庆长坝	单生朝天椒	90	建阳朝天椒	福建建阳	单生朝天椒
41	云南小米辣	云南砚山	单生朝天椒	91	建阳子弹头	福建建阳	单生朝天椒
42	云南朝天椒	云南砚山	单生朝天椒	92	沙县西霞樱桃椒	福建沙县	单生朝天椒
43	云南指天椒	云南砚山	单生朝天椒	93	沙县西霞子弹头	福建沙县	单生朝天椒
44	云南子弹头	云南砚山	单生朝天椒	94	沙县西霞灯笼椒	福建沙县	单生朝天椒
45	云南野山椒	云南砚山	单生朝天椒	95	宁化小米辣	福建宁化	单生朝天椒
46	云南灯笼椒	云南砚山	单生朝天椒	96	宁化朝天黄椒	福建宁化	单生朝天椒
47	云南樱桃椒	云南砚山	单生朝天椒	97	海南簇生朝天椒	海南乐东	簇生朝天椒
48	重庆圆锥椒	重庆长坝	单生朝天椒	98	海南单生朝天椒	海南乐东	单生朝天椒
49	重庆樱桃椒	重庆长坝	单生朝天椒	99	海南小米辣	海南乐东	单生朝天椒
50	重庆灯笼椒	重庆长坝	单生朝天椒	100	海南大果朝天椒	海南乐东	单生朝天椒

表 2 测量的农艺性状

Table 2 The agronomic traits measured in this study

标号	名称	说明	备注
X ₁	株高 (cm)	地面植株基部至全株最高处	
X ₂	开展度 (cm)	植株左右宽度	
X ₃	茎粗 (cm)	第一朵花下横径	
X ₄	叶长 (cm)	叶片的长度	于植株中部随机取 10 片叶测量
X ₅	叶宽 (cm)	叶片的宽度	
X ₆	果纵径 (cm)	果最长部分纵径	于盛收期随机取 10 个果实测量
X ₇	果横径 (cm)	果最长部分横径	
X ₈	果肉厚 (cm)	果肉的厚度	在果实的果肩部横切后测量
X ₉	果柄长 (cm)	果实和茎连接的部位的长度	
X ₁₀	单果质量 (g)	成熟期的果实质量	
X ₁₁	单株果数	单株上所有的果实数	

2 结果与分析

2.1 朝天椒主要农艺性状表型遗传多样性分析

2.1.1 朝天椒表型变异分析 统计分析结果表明 (表 3),表型性状存在不同程度的变异,变异系数平均值为 24.80%。

2.1.2 朝天椒表型相关性分析 通过对朝天椒 11 个表型性状间的相关性分析可知 (表 4),株高、果横径、果肉厚、茎粗和开展度间呈显著正相关,叶长、叶宽、果柄长和株高间呈极显著正相关,开展度与单果质量间呈极显著正相关,叶宽、

果柄长、单果质量和叶长呈极显著正相关,叶宽和单果质量呈显著相关,叶宽和果柄长呈极显著正相关,果横径和果纵径呈显著负相关,果柄长和果纵径呈极显著正相关,单果质量和果纵径呈显著相关,果肉厚、单果质量和果横径呈极显著正相关,果横径和果柄长呈极显著负相关,果肉厚和果柄长呈显著负相关,果肉厚和单株果数呈极显著负相关,果肉厚和单果质量呈极显著正相关,单果质量和单株果数呈极显著负相关。由此可以推断,果肉较厚、果实横径和纵径较大的品种,对产量和单果质量影响较大。

表 3 朝天椒资源数量性状的表型变异分析

Table 3 Phenotypic variation analysis of quantitative characters in *Capsicum annuum*

形态学性状	极小值	极大值	均值	标准差
株高 (cm)	30.0	95.0	58.940	11.930
开展度 (cm)	26.0	75.0	52.700	10.520
茎粗 (cm)	0.7	1.5	0.971	0.178
叶长 (cm)	6.5	21.5	11.929	2.601
叶宽 (cm)	3.0	9.0	5.610	1.186
果纵径 (cm)	0.6	13.5	6.003	1.895
果横径 (cm)	0.8	3.5	1.911	0.452
果肉厚 (cm)	0.1	0.3	0.189	0.044
果柄长 (cm)	1.2	4.0	2.310	0.555
单果质量 (g)	3.1	16.6	7.467	2.569
单株果数	12.0	72.0	32.960	11.171

表 4 朝天椒各性状间的相关系数

Table 4 Correlation coefficient of main agronomic characters in *Capsicum annuum*

	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	0.212 *	1.000									
X ₃	0.116	0.248 *	1.000								
X ₄	0.355 **	0.093	0.178	1.000							
X ₅	0.341 **	0.105	0.065	0.877 **	1.000						
X ₆	0.126	-0.110	0.085	0.169	0.169	1.000					
X ₇	0.139	0.251 *	0.005	-0.060	-0.062	-0.250 *	1.000				
X ₈	0.096	0.248 *	0.088	0.019	-0.014	-0.046	0.431 **	1.000			
X ₉	0.275 **	-0.113	0.143	0.392 **	0.298 **	0.384 **	-0.299 **	-0.224 *	1.000		
X ₁₀	0.126	0.346 **	0.063	0.270 **	0.220 *	0.236 *	0.312 **	0.501 **	-0.063	1.000	
X ₁₁	0.134	0.061	-0.005	-0.104	0.069	-0.060	-0.165	-0.267 **	0.153	-0.469 **	1.000

X₁~X₁₁见表 2。**表示在 0.01 水平相关性显著;*表示在 0.05 水平相关性显著。

2.1.3 朝天椒表型聚类分析 100 份朝天椒材料的 11 个农艺性状聚类分析结果见图 1,在欧式距离为 20 处,100 份朝天椒材料划分为 2 大类群:第一类群包含 42 份材料,第二类包括 58 份材料。在欧式距离为 14 处则被分为 4 个群组,分别依次命名为 I、II、III 和 IV。

第 I 群组包含 18 份材料(85、96、83、84、7、88、78、91、77、86、87、44、89、95、92、43、94 和 93)。第 II 群组包含 24 份材料(60、70、65、33、53、39、61、64、74、29、30、31、45、90、56、79、72、81、17、76、36、50、35 和 6)。第 III 群组包含 5 份材料(58、69、59、67 和 68)。第 IV 群组包含 53 份材料(57、82、18、51、10、32、49、14、9、16、34、20、38、52、11、54、13、47、12、22、48、55、73、71、42、75、41、1、26、23、62、40、46、97、98、99、100、3、27、66、28、80、8、37、15、19、4、5、2、21、25、24 和 63)。

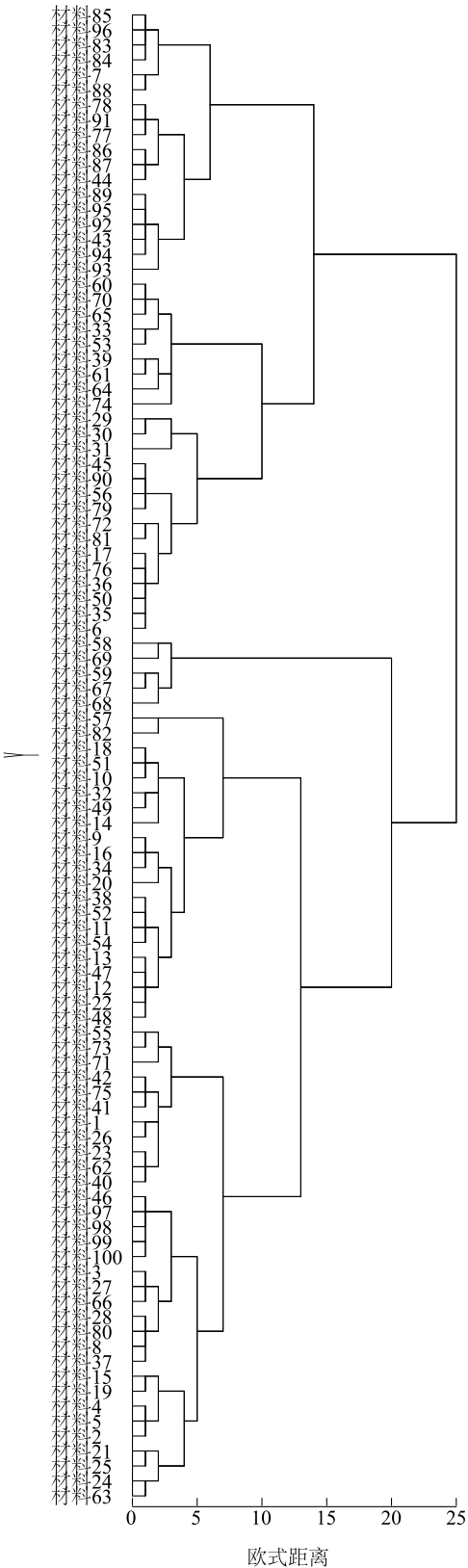
2.2 朝天椒 SRAP 遗传多样性分析

2.2.1 分子标记在朝天椒群体中扩增产物的多态性分析 利用 4 份表型差异较大的朝天椒 DNA 样品对 SRAP 引物组合进行筛选,最终确定 8 对引物序列组合(表 5)用于 SRAP-PCR 反应以研究 100 份朝天椒材料的遗传多样性。PCR 扩增累计扩增出 76 条谱带,其中多态性谱

带有 61 条,总的多态性比率为 80.3%,各引物多态性比率为 71.4%~87.5%。

2.2.2 朝天椒遗传多样性分析及聚类分析 根据朝天椒种质资源材料的 SRAP 扩增结果,按非加权配对算数平均法(UPGMA)进行 SAHN 聚类分析,得到亲缘关系聚类分析树状图(图 2)。以遗传相似系数 0.77 为阈值,利用 NTsys2.10e 软件,根据 Nei-Li 计算的相似系数为 0.77~1.00,在相似系数为 0.815 处,100 份朝天椒材料被明显地分为 2 大类:第一类包括 47 份材料,第二类包括 53 份材料。在遗传相似系数为 0.810 处,朝天椒材料被分为 7 个群组,分别依次命名为 I、II、III、IV、V、VI 和 VII。

第 I 群组包含 40 份材料(1、2、4、16、17、18、3、19、14、15、13、5、25、27、26、28、31、66、76、37、73、38、64、62、63、53、89、6、7、41、42、43、61、54、49、51、52、50、88 和 90)。第 II 群组包含 5 份材料(65、74、75、77 和 87)。第 III 群组包含 2 份材料(29 和 39)。第 IV 群组包含 37 份材料(8、11、12、35、9、10、20、81、80、82、21、24、22、23、40、44、57、58、59、67、68、69、79、93、95、45、84、47、48、55、56、91、92、94、60、83 和 86)。第 V 群组包含 10 份材料(30、32、33、34、36、46、97、98、99 和 100)。第 VI 群



材料 1~100 见表 1。
图 1 100 份朝天椒材料表型性状聚类图
Fig.1 Cluster graph of phenotypic traits in *Capsicum annuum*

表 5 不同 SRAP 引物组合和 100 份朝天椒种质中扩增出的多态性
Table 5 Polymorphism in 100 samples of *Capsicum annuum* amplified by different SRAP primers

引物组合	总带数	多态性带数	多态性比率 (%)
EM1-EM5	6	5	83.3
EM10-EM4	8	7	87.5
EM11-EM12	11	9	81.8
EM13-EM7	7	5	71.4
EM13-EM8	10	9	90.0
EM13-EM10	9	7	77.8
EM13-EM12	13	10	76.9
EM13-EM13	12	9	75.0
总计	76	61	80.3

组包含 3 份材料(71、72 和 78)。第Ⅶ群组包含 3 份材料(70、96 和 85)。

3 讨论

植物种质资源是发展农业生产,开展作物育种和进行生物技术研究的基础^[8]。植物的农艺性状是遗传因素和环境因素相互作用表现出来的结果。

3.1 表型相关分析

表型性状兼具稳定性和变异性,既是遗传变异的特征,也易受环境的影响^[9]。叶长和叶宽相关系数最大(0.877),呈极显著正相关,说明叶长较长的朝天椒品种其叶宽也较宽。单株果数和单果质量是朝天椒产量构成的重要因素,而单株果数与果肉厚和单果质量呈极显著负相关,单果质量与开展度、叶长、果横径、果肉厚呈极显著正相关,说明朝天椒产量是一个较为综合的指标。因此,从高产优质的育种目标出发,良种选育过程虽然产量受到诸多因素的影响,但也应优先选择单株果数、果肉厚、单果质量这 3 个性状指标。

3.2 表型变异分析

株高的标准差与方差最大,变异系数为

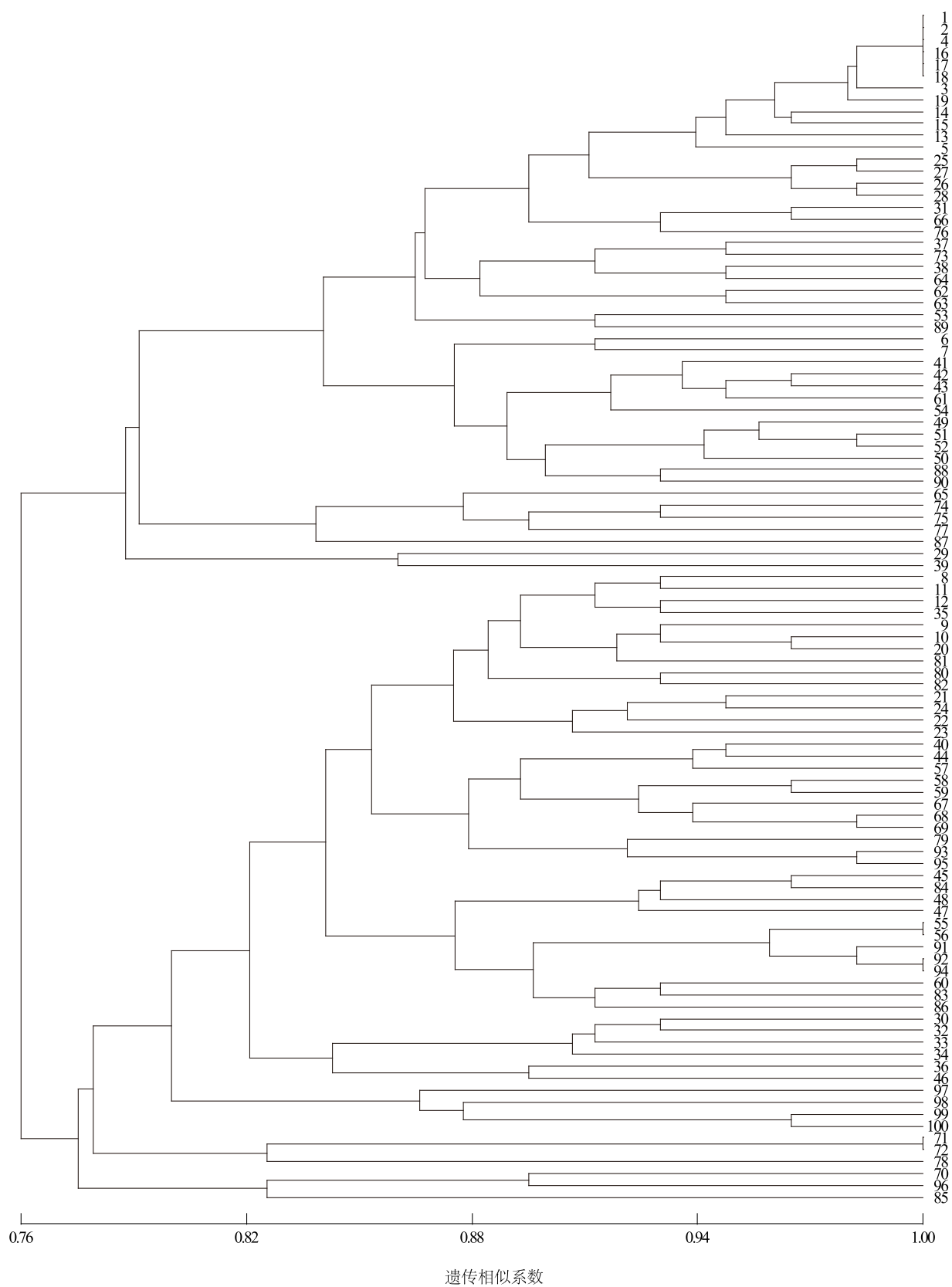


图2 100 份朝天椒种质资源材料的 SRAP 聚类分析

Fig.2 SRAP cluster analysis of *Capsicum annuum*

10%~100%,为中等变异,引进的材料可以为品种改良提供用处。单果质量的变异系数达到最大值,而变异系数值较大的性状可以作为遗传育种改良的首选特征,通过有目的良种选育较容易获得单果质量较大的品种。

3.3 表型聚类分析

在第Ⅰ群组中编号为83、84、85、86、87、88、89这7份材料均由同一个系统选育的品种以及衍生自交分离后育成的品种,其农艺性状(株高、开展度和茎粗等)表现较为相似,在朝天椒果实色泽上表现不同(红色、黄色)以及果形指数表现不同。第Ⅰ群组中的沙县西霞樱桃椒、沙县西霞子弹头、沙县西霞灯笼椒、宁化小米辣、宁化朝天椒属于三明地区引进的亲本材料,在聚类分析中与河南朝天椒分在同一个群组,说明三明地区部分朝天椒材料是通过引进河南的亲本,通过人工选育后,进行多代自交纯化而成的。第Ⅲ群组中的宁化治平朝天椒、宁化曹坊朝天椒与贵州遵义朝天椒、贵州遵义小米辣、日本山鹰椒分在同一群组,这些材料的朝天椒主要农艺性状较为相似,例如单果质量、果纵径等方面。第Ⅳ群组中的三明大田、三明尤溪、三明将乐朝天椒材料分在同一群组,表现为生态环境相似,地理来源相邻地区的遗传关系较近。海南簇生朝天椒、海南单生朝天椒、海南小米辣、海南大果朝天椒分在同一群组,这些材料叶长、株高、开展度等农艺性状较为相似。第Ⅱ群组的24份样本材料只是将农艺性状相似的朝天椒材料聚在一起,没有体现出地理相似性。

3.4 SRAP 分析

每对引物扩增出的谱带数为6至13之间,平均每对引物扩增出的条带为9.5个多态性位点,扩增位点的分子量主要分布于200~2 000 bp。EM13和EM8标记的谱带存在明显多态性分布,能够较好地鉴别出不同的朝天椒DNA材料,EM13和EM8引物组合共扩增出10条谱

带,其中9条属于多态性位点,多态性比率达90%。从引物组合EM13和EM8对100份朝天椒的SRAP扩增结果可以看出,有明显不同片段大小的光亮条带分布,不同品种材料之间存在差异,也有部分条带趋于一致,可能是由于选取的100份朝天椒材料有部分是通过杂交优势育种后自交提纯出的材料,由于基因组高度一致,因此经引物筛选出的条带大体一致。

3.5 SRAP 聚类分析

SRAP聚类分析结果与表型聚类结果不同的是许多来源同一地区(县、市)的朝天椒材料并没有聚为同一类,这可能是由于在系统选育的过程中,不同种质材料相互间进行多个亲本复合杂交以及多项选择,产生了较大的遗传变异所致。第Ⅴ群组包括10份种质材料,这些材料具有高度的一致性,由于这些种质材料是由同一个单株分离出的,在人工选育时可能是更多地选择了父本的优良性状而较少选择母本性状造成的。经大田观察,这几个新品种在物候期等多个形状上与父本非常接近,这一事实也很好解释了上述推测。这些种质材料的单株果数较少,对应的折算产量也较低,但其生长势较旺盛,可作为强株复壮的材料。

如今SRAP分子标记技术已经应用在辣椒的种质资源遗传多样性研究当中,本试验发现其多态性较高,能较准确聚类100份朝天椒材料,为解决朝天椒育种过程中亲本选择效率低、育种进程慢的技术问题提供了借鉴。

参考文献:

- [1] 张慎举,皇甫自起.朝天椒无公害标准化生产技术[J].长江蔬菜,2010(5):17-19.
- [2] 吴海滨,龚浩,刘鹏,等.丝瓜种质资源的SRAP遗传多样性分析[J].西南农业学报,2015,28(4):1524-1529.
- [3] 马蓉丽,焦彦生,成妍,等.基于表型性状的辣椒资源遗传多样性分析[J].山西农业科学,2015,43(12):1577-1581.
- [4] 耿广东,张素勤,盛霞.辣椒种质资源主要表型性状的聚类分析[J].长江蔬菜,2009(8):8-10.
- [5] 张素勤,耿广东,周贤婷,等.贵州辣椒种质资源的表型和

- SRAP 分析[J].山地农业生物学报,2008,27(3):228-232,246.
- [6] 许先松,刘志钦,林晓丹,等.基于形态及 SRAP 标记的辣椒资源遗传多样性及亲缘关系比较[J].福建农林大学学报(自然科学版),2011,40(1):48-53.
- [7] 陈海荣,王加红,韦祝山,等.辣椒的新品种保护和 DUS 测试[J].辣椒杂志,2006(4):15-18.
- [8] 程 云.辣椒(*Capsicum annuum* L.)材料亲缘关系的 RAPD 和形态学分析[D].成都:四川农业大学,2005.
- [9] 王贤智.大豆产量相关性状的遗传与稳定性分析及 QTL 定位研究[D].北京:中国农业科学院,2008.

(责任编辑:姜华珏)