

辛佳佳, 张南峰, 程华萍, 等. 江西省地方蚕豆种质资源遗传多样性分析及优异资源挖掘[J]. 江苏农业学报, 2022, 38(1): 20-29.
doi:10.3969/j.issn.1000-4440.2022.01.003

江西省地方蚕豆种质资源遗传多样性分析及优异资源挖掘

辛佳佳¹, 张南峰¹, 程华萍¹, 戴兴临¹, 张 洋¹, 涂玉琴¹, 涂伟凤², 谷德平¹, 关 峰³, 汤 洁¹

(1. 江西省农业科学院作物研究所, 江西 南昌 330200; 2. 江西省农业科学院, 江西 南昌 330200; 3. 江西省农业科学院蔬菜花卉研究所, 江西 南昌 330200)

摘要: 利用蚕豆的 22 个主要农艺性状和 8 个简单重复序列(Simple sequence repeat, SSR)标记对“第三次全国农作物种质资源普查与收集行动”中收集到的 57 份江西省蚕豆种质资源进行遗传多样性分析。结果表明:江西省地方蚕豆种质资源具有丰富的遗传多样性,单株分枝数及单株总荚数与蚕豆籽粒的大小呈显著负相关。农艺性状聚类分析将 57 份种质资源分为两大类,其中第 I 类群单株产量较高,可作为潜在高产优质蚕豆育种材料。8 个 SSR 标记共扩增出 65 条清晰、可识别的条带,其中多态性条带 49 条,多态率为 75.38%。通过 NTSYS 聚类分析,在遗传相似性系数为 0.743 处将 57 份蚕豆种质资源分为 3 个类群,这些类群中不同来源的种质相互交错,表明江西省蚕豆资源间的基因交流较充分。综合以上结果,筛选出 4 份优异的蚕豆资源,分别具有产量高、抗性强、高钙高蛋白含量等特点,可作为蚕豆新品种的育种材料。研究结果可为蚕豆种质资源的评价利用及蚕豆育种亲本的选择等提供理论基础。

关键词: 江西; 蚕豆; 种质资源; 简单重复序列(SSR); 遗传多样性

中图分类号: S643.602.4 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2022)01-0020-10

Genetic diversity analysis and excellent resources mining of local broad bean germplasm resources in Jiangxi province

XIN Jia-jia¹, ZHANG Nan-feng¹, CHENG Hua-ping¹, DAI Xing-lin¹, ZHANG Yang¹, TU Yu-qin¹, TU Wei-feng², GU De-ping¹, GUAN Feng³, TANG Jie¹

(1. Crop Research Institute of Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, China; 2. Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, China; 3. Institute of Vegetable and Flower, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, China)

Abstract: In this study, 22 main agronomic characters and eight simple sequence repeat (SSR) markers were used to study and analyze the genetic diversity of 57 broad bean germplasm resources collected in the third national investigation and collection of agricultural germplasm resources. The results showed that the local broad bean germplasm resources in Jiangxi province had rich genetic diversity, and the number of branches per plant and total pods were significantly negatively correlated with the size of broad bean seeds. The 57 broad bean

germplasm resources were divided into two categories by cluster analysis, the group I had higher yield per plant and could be used for high-yield breeding. A total of 65 clear and identifiable bands were amplified by eight SSR markers, including 49 polymorphic bands, with a polymorphism rate of 75.38%. According to NTSYS cluster analysis, 57 broad bean germplasm resources could be divided into three

收稿日期: 2021-05-19

基金项目: 第三次全国农作物种质资源普查与收集行动项目(111721301354052138); 江西省旱作物种质资源繁殖更新、编目入库与创新利用项目(JXXTCX202101-02)

作者简介: 辛佳佳(1989-), 女, 江西南昌人, 硕士, 助理研究员, 主要从事食用豆类作物遗传育种及栽培技术研究。(E-mail) xinjj2012@163.com。张南峰为共同第一作者。

通讯作者: 汤 洁, (E-mail) ttjiejie2003@163.com

groups at the genetic similarity coefficient of 0.743. The germplasms from different sources in these groups were interlaced, indicating that broad bean resources in Jiangxi were fully exchanged. Based on the above results, four excellent broad bean resources with high yield, strong resistance, high calcium and high protein content were screened and could be used as breeding materials for new varieties of broad bean. The research results can provide theoretical basis for the evaluation and utilization of broad bean germplasm resources and the selection of parents for broad bean breeding.

Key words: Jiangxi; broad bean; germplasm resources; simple sequence repeats (SSR); genetic diversity

蚕豆(*Vicia faba* L.),别称马齿豆、胡豆、罗汉豆等,属于豆科蝶形花亚科巢菜属,为一年生或越年生草本植物^[1-2],其营养价值高,蛋白质含量高达25%~35%,且富含糖、矿物质、维他命、钙和铁^[3]。蚕豆既可作为传统口粮,又是现代绿色食品和营养保健食品。据统计,中国蚕豆种植面积占世界种植总面积的34.5%,产量高达 1.96×10^3 kg/hm²,总产量居世界第一(<http://www.fao.org>)。中国蚕豆种植于秋播、春播两大生态区,前者以西南地区、长江流域为主,后者以西北、华北北部为主。江西省处于长江中下游,具有良好的农业生态环境,具备适宜种植蚕豆的生态条件。中国长期保存的国内外蚕豆种质资源中有63.6%为国内地方品种和育成品种,36.4%从国外引进^[4]。种质资源是品种改良和选育的物质基础,是生命延续和种族繁衍的保证。种质资源的收集、鉴定及评价是许多育种工作者和遗传学家都非常关心的问题^[5-6]。由于蚕豆品种的改良起步比较晚,目前农户种植的蚕豆品种主要是一些地方品种,这在很大程度上限制了蚕豆种植面积的扩大和产量的提高。搜集和评价江西省蚕豆地方种质资源,有利于提高江西省蚕豆种质资源的利用效率,同时加快优异种质资源利用的步伐。

本研究依托“第三次全国农作物种质资源普查与收集行动”项目,共收集了57份江西省地方蚕豆种质资源,对其主要农艺性状进行观察及测定,并结合简单重复序列(Simple sequence repeat, SSR)分子标记技术,综合研究其遗传多样性,以期蚕豆种质资源的评价利用及新品种的选育提供参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试材料为“第三次全国农作物种质资源普查与收集行动”项目中收集到的江西省地方蚕豆种质资源,共计57份,种质资源的编号、种质名称及收集地点见表1。

1.2 试验方法

1.2.1 田间农艺性状调查 根据“第三次全国农作物种质资源普查与收集行动”项目安排,江西省蚕豆种质资源调查主要选择在永修县、修水县、分宜县、横峰县、铜鼓县、安福县等27个作物种质资源丰富的农业县进行,田间管理参考当地模式,田间性状的记载参照《蚕豆种质资源描述规范和数据标准》^[7],调查内容包括生长习性、生育天数、花旗瓣颜色、株高、分枝数、单株产量、粒型、粒色、百粒质量等信息,每份材料选取5株进行性状调查,其中数量性状以其平均值作为最终数值^[8-9]。

在质量性状赋值方面,花旗瓣颜色赋值如下:1=白,4=浅红,5=紫红;粒形赋值如下:2=窄厚,3=中厚,5=阔厚,6=阔薄;粒色赋值如下:1=白,4=黄,7=浅绿,8=绿;脐色赋值如下:1=褐,3=黑;粒型赋值如下:1=小粒型,2=中粒型,3=大粒型。

1.2.2 基因组DNA提取 取约0.5 g新鲜叶片,采用十六烷基三甲基溴化铵(CTAB)法提取基因组DNA^[10],用紫外核酸测定仪测定提取的DNA含量和纯度,用1%琼脂糖凝胶电泳进行DNA质量检测,将DNA含量统一稀释到50 ng/ μ l,在-20℃低温下长期保存备用。

1.2.3 SSR引物与PCR扩增 SSR引物参照中国农业科学院作物科学研究所张红岩^[11]的研究结果,本研究利用表型差异较大的蚕豆材料,对文献中记载的17对高效SSR引物进行进一步筛选,挑选出条带清晰、多态性高、稳定性好的核心引物,淘汰扩增结果中带型不易辨认的引物,共筛选到8对高效SSR核心引物(表2)。PCR扩增总体积为10.0 μ l,其中包括5.0 μ l 2 \times Taq Mastermix、0.5 μ l上游引物、0.5 μ l下游引物、1.0 μ l模板、3.0 μ l ddH₂O。PCR反应程序为:95℃预变性5 min;95℃变性30 s,最佳温度下退火30 s,72℃延伸1 min,35个循环;72℃延伸10 min,4℃保存。PCR扩增产物用8%变性聚丙烯酰胺凝胶进行电泳检测,采用银染法进行染色^[12]。

表 1 收集到的蚕豆种质资源名称及来源

Table 1 Varieties and the collection sites of broad bean germplasm resources

序号	编号	名称	采集地
1	2017362218	上舍马蚕豆	江西省赣州市都昌县多宝乡上舍马村
2	2017361343	布甲蚕豆	江西省九江市修水县布甲乡布甲村
3	2017361348	横山蚕豆	江西省九江市修水县布甲乡横山村
4	2017363076	青岭蚕豆	江西省九江市瑞昌市横立山乡青岭村
5	2017361001	同兴蚕豆	江西省九江市永修县吴城镇同兴村
6	2017361428	黄岭蚕豆	江西省九江市永修县三溪桥镇黄岭村
7	2017363007	永坊蚕豆	江西省萍乡市莲花县神泉乡永坊村
8	2017363166	阳春蚕豆	江西省萍乡市莲花县路口镇阳春村
9	2017363138	美景蚕豆	江西省九江市瑞昌市南义镇美景村
10	2017361048	河桥蚕豆	江西省九江市永修县三溪桥镇河桥村
11	2017361021	横山蚕豆	江西省九江市永修县三溪桥镇横山村
12	2017362091	治元蚕豆	江西省新余市分宜县钤山镇治元村
13	2017362239	桂村蚕豆	江西省新余市分宜县操场乡桂村村
14	2017362008	大树蚕豆	江西省九江市都昌县大树乡大树村
15	2017363058	文塘蚕豆	江西省萍乡市莲花县荷塘乡文塘村
16	2018362715	建作蚕豆	江西省上饶市横峰县姚家乡建作村
17	2018362603	灵山蚕豆	江西省赣州市兴国县鼎龙乡灵山村
18	2018362706	瑄山蚕豆	江西省上饶市横峰县姚家乡瑄山村
19	2018362663	考坑蚕豆	江西省上饶市横峰县葛源镇考坑村
20	2018362580	黄岗蚕豆	江西省赣州市兴国县社富乡黄岗村
21	2018361433	后叶蚕豆	江西省上饶市玉山县怀玉乡后叶村
22	2018362467	南阜蚕豆	江西省吉安市安福县甘洛乡南阜村
23	2018362476	中团蚕豆	江西省吉安市安福县竹江乡中团村
24	2018363331	厚料蚕豆	江西省抚州市崇仁县相山镇厚料村
25	2018363089	叶坪胡豆	江西省赣州市瑞金市叶坪乡禾仓背村
26	2018362228	匡坊胡豆	江西省赣州市兴国县茶园乡匡坊村
27	2018362179	坛洲蚕豆	江西省吉安市安福县严田镇坛洲村
28	2018362139	沿沛蚕豆	江西省吉安市安福县金田乡沿沛村
29	2018363693	楼下蚕豆	江西省上饶市万年县苏桥乡楼下村
30	2018362091	利田蚕豆	江西省吉安市安福县横龙镇利田村
31	2018361094	官田蚕豆	江西省吉安市峡江县人和镇官田村
32	2018361053	杭口蚕豆	江西省九江市修水县杭口镇居委会移民小区
33	2018363731	彭家蚕豆	江西省上饶市万年县上坊乡上坊村委彭家村
34	2019363342	胆坑蚕豆	江西省宜春市铜鼓县高桥乡胆坑村
35	2019361458	稍溪蚕豆	江西省宜春市上高县野市乡稍溪村
36	2019362007	坎上蚕豆	江西省宜春市丰城市隍城镇坎上村
37	2019361403	菱湖蚕豆	江西省宜春市上高县蒙山镇菱湖村
38	2019361237	中店蚕豆	江西省上饶市玉山县仙岩镇中店村
39	2019363304	华联蚕豆	江西省宜春市铜鼓县排埠镇华联村
40	2019361431	新桥蚕豆	江西省宜春市上高县芦洲乡新桥村
41	2019361436	江边蚕豆	江西省宜春市上高县翰堂镇江边村
42	2019363420	西向蚕豆	江西省宜春市铜鼓县三都镇西向村
43	2019363328	梅洞蚕豆	江西省宜春市铜鼓县排埠镇梅洞村

续表1 Continued1

序号	编号	名称	采集地
44	2019361309	基墩蚕豆	江西省鹰潭市余江区画桥镇基墩村
45	2019361372	逢叶蚕豆	江西省鹰潭市余江区潢溪镇逢叶村
46	2019361348	岩前蚕豆	江西省鹰潭市余江区马荃镇岩前村
47	2019361418	端溪蚕豆	江西省宜春市上高县新界埠镇端溪村
48	2019361451	苑新蚕豆	江西省宜春市上高县镇渡乡苑新村
49	2019363145	向阳蚕豆	江西省上饶市鄱阳县莲湖乡向阳村
50	2019363149	马鞍山蚕豆	江西省上饶市鄱阳县双港镇马鞍山村
51	2019361456	镇南蚕豆	江西省宜春市上高县镇渡乡镇南村
52	2019363264	大墩蚕豆	江西省宜春市铜鼓县大墩镇大墩街
53	P360423005	温汤蚕豆	江西省九江市武宁县上汤乡温汤村
54	P361130100	乡江蚕豆	江西省上饶市婺源县大鄣山乡江村
55	P361130025	张村蚕豆	江西省上饶市婺源县镇头镇张村村
56	P361124105	鹅湖蚕豆	江西省上饶市铅山县鹅湖镇鹅湖村
57	P360622020	林溪蚕豆	江西省鹰潭市余江县马荃镇林溪村

表 2 简单重复序列 (SSR) 的引物序列

Table 2 Sequence of simple sequence repeat (SSR) primers

引物编号	正向引物序列 (5'→3')	反向引物序列 (5'→3')
EST181	GAGAAAAGCGGCTGCTTAGA	GCTGTCACCGAGAATGATGA
EST1280	TGCTGGAACAACAACCTGAA	TGTGCACTCTCCGCATCTAC
SSR13683	AAATATGGGTTGGCGACTTG	GAATTGACCATTGACTCTCTTCA
SSR760	GAATTTTCAAAACATGAGTCCCA	CCGGATCTGAAAAGACTTGC
SSR13771	CACCCTTCTTGTTCCCTTTTT	CCGGCGGAAGTAGGTATCTT
SSR11052	TCCTCAAACATGCAGGACAG	TTGTTCCGAGCAACAGTTTG
SSR10911	ACCACCTTCTGAGGAACAGC	TTGTGCAAATATGACATTTATTTAAG
EST1142	CCAAAGCAAACCCAACAAGT	CCTTTGCTTCCAGATTCTCC

1.2.4 数据处理及统计分析 采用 Excel 2003 计算蚕豆农艺性状的平均值、标准差、变异系数及多样性指数 (H') 等,其中多样性指数采用 Shannon-Wiener 法^[13]计算,公式: $H' = -\sum P_i \times \ln P_i$,式中: P_i 为某性状第 i 级变异类型出现的频率。聚类分析采用 SPSS 19.0,聚类方法采用 Ward 法(离差平方和法)^[14]。

SSR 引物的多态性及聚类分析。选择条带清晰的 PCR 条带,人工读带,无条带的记为 0,有条带的记为 1,采用 NTSYS 2.1 软件分析 57 个供试蚕豆种质间的遗传相似性系数,聚类分析使用 UPGMA 法^[15],用 SHAN 绘制树状图。

2 结果与分析

2.1 农艺性状多样性分析

2.1.1 主成分分析 对 57 份蚕豆种质资源的 17 个数量性状进行主成分分析,结果见表 3、表 4。根据特征值大于 1 的原则,筛选到 5 个主成分,累计贡献率达到 73.174%。主成分 1 的特征值为 5.040,贡献率为 29.650%,该成分中单株总荚数的特征值最大,为 0.890,其次是有效枝数、单株产量、单株分枝数、株高,特征值分别为 0.882、0.864、0.863、0.696,这些都会影响单株产量,所以第 1 主成分视为产量因子。主成分 2 的特征值为 3.001,方差贡

献率为 17.655%,其中粒长、粒宽、荚宽、荚长的特征值较大,分别为 0.820、0.783、0.482、0.616,这些都与蚕豆籽粒的大小有关,因此第 2 主成分为蚕豆粒型因子;单株分枝数、有效枝数、单株总荚数的特征值均为负值,分别为-0.066、-0.090、-0.129,说明单株分枝数与总荚数会限制蚕豆籽粒的大小,因而在选育蚕豆新品种时,应权衡高产与粒型,作出合适的选择。主成分 3 的特征值为 1.636,方差贡献率为 9.625%,对该成分影响较大的是生育天数、单株粒数、初花节位、初荚节位。根据性状数值和特征值的综合表现,随着生育天数的增加,植株对营养物质的吸收得到增强,初花节位与初荚节位也表现出增高趋势。主成分 4 的特征值为 1.540,方差贡献率为 9.057%,对主成分 4 影响最大的是粒厚。主成分 5 的特征值为 1.222,方差贡献率为 7.188%,对主成分 5 影响较大的是每花序的花朵数,特征值为-0.474,每个花序的花朵数量越多,蚕豆籽粒的粒长、粒宽、粒厚越小。通过主成分分析不难发现,这些性状中单株分枝数、有效枝数、单株总荚数、单株产量、粒长、粒宽、粒厚为主要特征向量,可作为后续蚕豆新品种选育过程中亲本评价的重要标准。

2.1.2 遗传多样性分析 对 57 份蚕豆材料的 22 个主要农艺性状进行遗传多样性分析,结果见表 5、表 6。57 份蚕豆材料的生育天数为 101.00~146.00 d,平均生育天数为 137.04 d;平均株高为 97.81 cm,序号为 51 的株高最高(130.00 cm),序号为 57 的株高最矮(50.00 cm);平均单株总荚数为 54.37 个,平均单株粒数为 74.44 粒;平均单株产量为 61.06 g,序号为 10 的单株产量最小(33.93 g),序号为 55 的单株粒数、单株产量均最大(单株粒数为 229.00 粒,单株产量为 219.29 g)。22 个农艺性状在不同种质间存在明显差异,遗传多样性指数为 0.356~2.046,粒宽的遗传多样性指数最大,为 2.046,粒色的遗传多样性指数最小,为 0.356。其中最高茎枝节数、单株分枝数、有效枝数、单株总荚数、单株粒数、荚长、荚宽、粒长、粒宽和粒厚的遗传多样性指数偏高,范围为 1.867~2.046,说明不同材料之间的产量差异较大,可为筛选高产型优异种质资源提供可靠依据。

2.1.3 基于农艺性状的聚类分析 采用 Ward 系统聚类法建立聚类树状图,由图 1 可以看出,57 份蚕豆种质资源可分成 2 大类群,其中第 I 类群包含 17 份种质资源,这个类群的主要特点是单株分枝数较

多、单株产量较高(表 7)。除此之外,第 I 类群蚕豆的花旗瓣颜色均为红色,粒色均为浅绿色。第 II 类群包含 40 份种质资源,占整个种质资源的 70.2%,这个类群的主要特征是单株分枝数较少,单株产量较低,且花旗瓣颜色与粒色具有较高的多样性。

表 3 57 份蚕豆种质资源数量性状的主成分分析

Table 3 Principal component analysis of quantitative characters of 57 broad bean germplasm resources

性状	主成分得分				
	1	2	3	4	5
生育天数	-0.064	0.408	0.573	0.022	0.256
初花节位	0.459	0.316	0.317	0.416	-0.106
每花序花数	-0.070	0.433	0.311	-0.194	-0.474
最高茎枝节数	-0.409	0.131	-0.343	0.554	-0.190
初荚节位	0.150	0.213	0.661	0.479	-0.111
株高	0.696	0.006	-0.106	0.367	-0.467
单株分枝数	0.863	-0.066	-0.193	-0.029	0.107
有效枝数	0.882	-0.090	-0.145	-0.064	0.129
单株总荚数	0.890	-0.129	-0.140	-0.097	0.110
单株粒数	0.587	0.013	0.487	-0.281	0.209
单株产量	0.864	0.149	0.032	-0.140	0.061
荚长	0.645	0.482	-0.225	0.086	-0.058
荚宽	-0.282	0.616	-0.029	0.100	-0.460
粒长	-0.201	0.820	-0.299	-0.106	-0.025
粒宽	-0.192	0.783	-0.163	-0.039	-0.284
粒厚	0.165	-0.236	-0.125	0.714	-0.426
百粒质量	0.376	0.694	-0.214	-0.065	-0.298

表 4 57 份蚕豆种质资源数量性状的主成分特征值与贡献率

Table 4 Principal component eigenvalues and contribution rates of quantitative characters of 57 broad bean germplasm resources

主成分	特征值	方差贡献率 (%)	累积贡献率 (%)
1	5.040	29.650	29.650
2	3.001	17.655	47.305
3	1.636	9.625	56.929
4	1.540	9.057	65.989
5	1.222	7.188	73.174

表 5 57 份蚕豆种质资源数量性状的多样性分析

Table 5 Diversity analysis of quantitative characters in 57 broad bean germplasm resources

性状	最大值	最小值	平均值	标准差	变异系数 (%)	遗传多样性指数
生育天数(d)	146.00	101.00	137.04	6.23	4.55	1.554
初花节位(cm)	7.00	4.00	5.21	0.82	15.70	1.179
每花序花数(个)	5.00	3.00	3.91	0.54	13.90	0.803
最高茎枝节数(个)	24.00	15.00	18.46	2.32	12.55	1.910
初荚节位(cm)	7.00	4.00	5.82	0.78	13.43	1.225
株高(cm)	130.00	50.00	97.81	16.65	17.03	1.722
单株分枝数(个)	21.00	3.00	10.79	4.56	42.25	1.903
有效枝数(个)	20.00	3.00	10.31	4.31	41.83	1.960
单株总荚数(个)	118.22	10.00	54.37	24.24	44.59	1.961
单株粒数(粒)	229.00	20.00	74.44	35.80	53.17	1.869
单株产量(g)	219.29	33.93	61.06	27.77	45.48	1.507
荚长(cm)	9.58	4.83	7.29	0.86	11.80	1.932
荚宽(cm)	2.08	1.16	1.44	0.17	11.50	1.883
粒长(cm)	2.11	1.34	1.55	0.13	8.59	1.867
粒宽(cm)	1.43	0.97	1.14	0.10	8.84	2.046
粒厚(cm)	0.72	0.46	0.60	0.05	7.63	1.976
百粒质量(g)	128.65	35.20	67.56	14.85	21.98	1.703

表 6 57 份蚕豆种质资源质量性状的多样性指数

Table 6 Diversity index of quality traits in 57 broad bean germplasm resources

性状	分布情况[资源数(份)/频率]				遗传多样性指数
花旗瓣颜色	白(3/5%)	浅红(34/60%)	紫红(20/35%)		0.831
粒型	小粒型(15/26%)	中粒型(38/67%)	大粒型(4/7%)		0.808
粒形	窄厚(11/19%)	中厚(38/67%)	阔厚(1/2%)	阔薄(7/12%)	0.916
粒色	黄(3/5%)	浅绿(52/91%)	绿(2/3%)		0.356
脐色	褐(50/88%)	黑(7/12%)			0.372

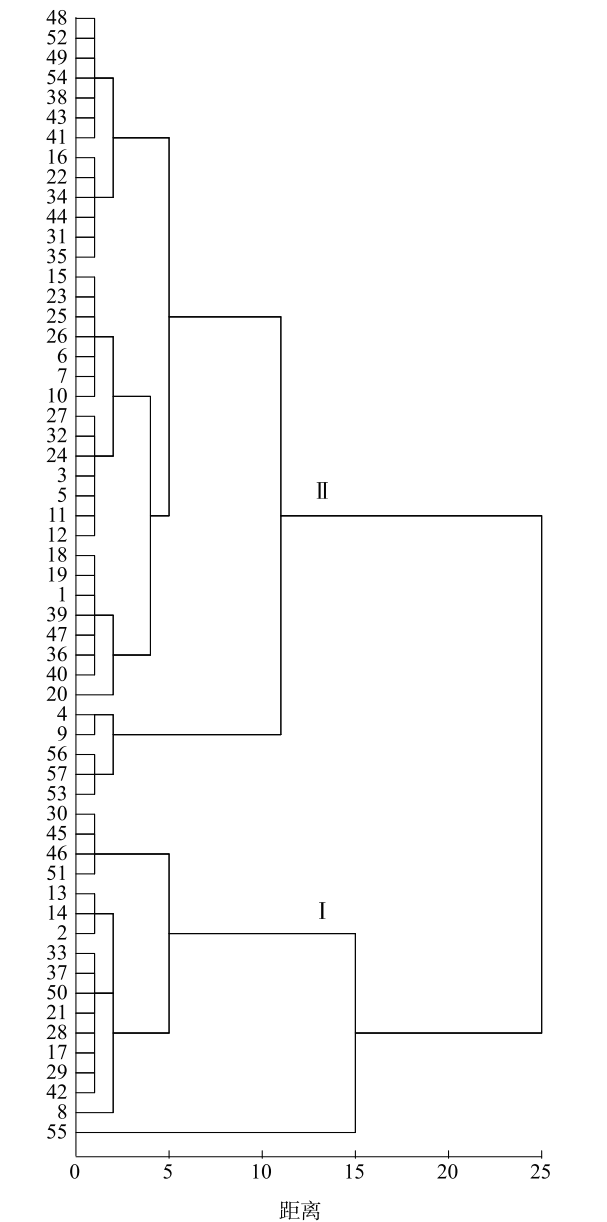
2.2 基于 SSR 分子标记的遗传多样性分析

2.2.1 SSR 标记的遗传多样性分析 用 8 对核心引物对 57 份蚕豆种质资源进行扩增、检测,共扩增出 65 条清晰可识别的条带,其中多态性条带有 49 条,多态率为 75.38%,8 对核心引物扩增的片段大多集中在200~750 bp(图 2)。各个 SSR 位点的多态信息含量(PIC)为0.42~0.84,平均 PIC 为 0.69(表 8),表明这 8 对核心引物具有丰富的多态性,可用于供试材料的遗传多样性分析。

2.2.2 SSR 标记的聚类分析 用 NTSYS 2.1 对电泳

谱带进行聚类分析,得到聚类树状图(图 3)。由图 3 可以看出,57 份蚕豆种质资源的遗传相似性系数为0.480~0.980,其中序号为 16 的蚕豆种质与序号为 56 的蚕豆种质之间的遗传相似性系数最小,为 0.480,表明这 2 份蚕豆种质资源间的亲缘关系最远,而序号为 44 的蚕豆种质与序号为 49 的蚕豆种质的遗传相似性系数最大,为 0.980,表明这 2 份蚕豆种质资源间的亲缘关系最近。在遗传相似性系数为 0.743 处,将 57 份蚕豆种质资源分成 3 大类群,第 I 类群包括 48 份蚕豆种质资源,第 II 类群只有

14 号蚕豆种质资源,说明序号为 14 的蚕豆种质与类群 I 中的 48 份种质之间存在较大差异。第Ⅲ类群包括 8 份蚕豆种质资源,这些种质中除了序号为 42 的蚕豆种质的花旗瓣颜色是紫红色,其他 7 份种质的花旗瓣颜色均为浅红色。尽管第Ⅲ类群的种质均来自赣北地区,但总体聚类结果显示,不同来源的种质间相互交错,表明江西省蚕豆种质资源间的基因交流较为充分。



1~57;序号为1~57 的 57 份蚕豆种质资源。
图 1 57 份蚕豆种质资源基于农艺及品质性状的聚类分析结果
Fig.1 Dendrogram of 57 broad bean germplasm resources based on agronomic and quality traits

表 7 第 I、II 类群中蚕豆种质品质性状的平均表现
Table 7 Average performance of quality traits of broad bean in groups I and II

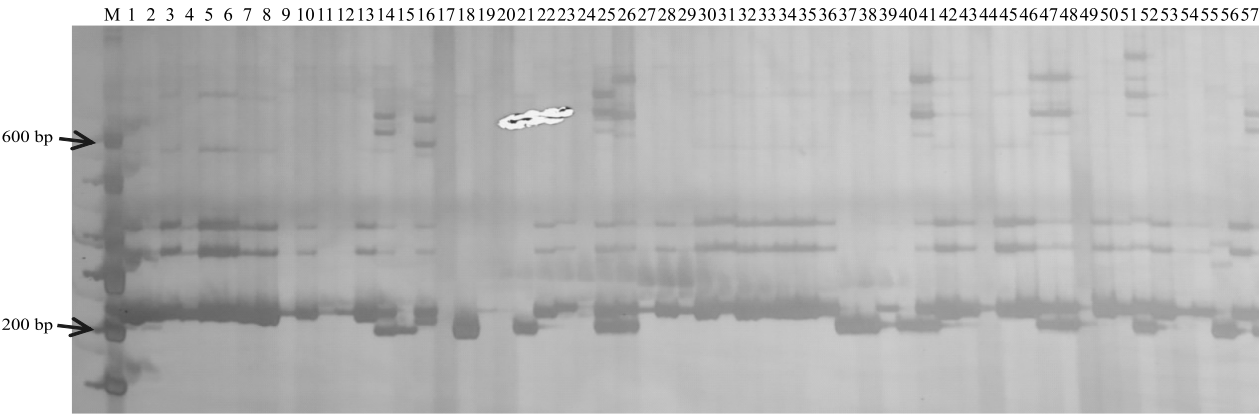
类群	单株分枝数 (个)	有效枝数 (个)	单株荚数 (个)	单株粒数 (粒)	单株产量 (g)
I	13.33	12.80	73.68	117.33	80.14
II	9.24	8.84	44.90	57.18	47.44

2.3 江西省蚕豆优异种质资源的挖掘

根据以上结果,同时结合品质分析、抗病性分析、产量分析等进行深入鉴定评价,从 57 份种质资源中筛选出 4 份优异资源。楼下蚕豆(采集序号为 29,图 4A)于万年县苏桥乡楼下村采集,该种质的蛋白质含量最高,达 29.5%,兼具较高的钙含量(1.820 g/kg),营养丰富,是优质食用型蚕豆资源;江边蚕豆(采集序号为 41,图 4B)于上高县翰堂镇江边村采集,该种质秆高,茎粗,抗倒伏能力较强,对赤斑病的抗性很好,发病率只有 5%,且发病症状轻微,其他种质资源的发病率为 10%~40%,可作为潜在的高抗优异蚕豆育种材料;同兴蚕豆(采集序号为 5,图 4C)于永修县吴城镇同兴村采集,该种质叶片颜色深绿、叶面光滑、花色鲜艳且呈深紫色、株型美观、易种植,可作盆景供观赏;张村蚕豆(采集序号为 55,图 4D)于婺源县镇头镇张村村采集,该种质开花多、结荚密、粒大饱满、色泽亮、产量高,单株粒数达 229 粒,单株产量达 219.29 g,可作为高产优异的蚕豆育种材料。

表 8 简单重复序列(SSR)引物的扩增结果
Table 8 Results of SSR primer amplification

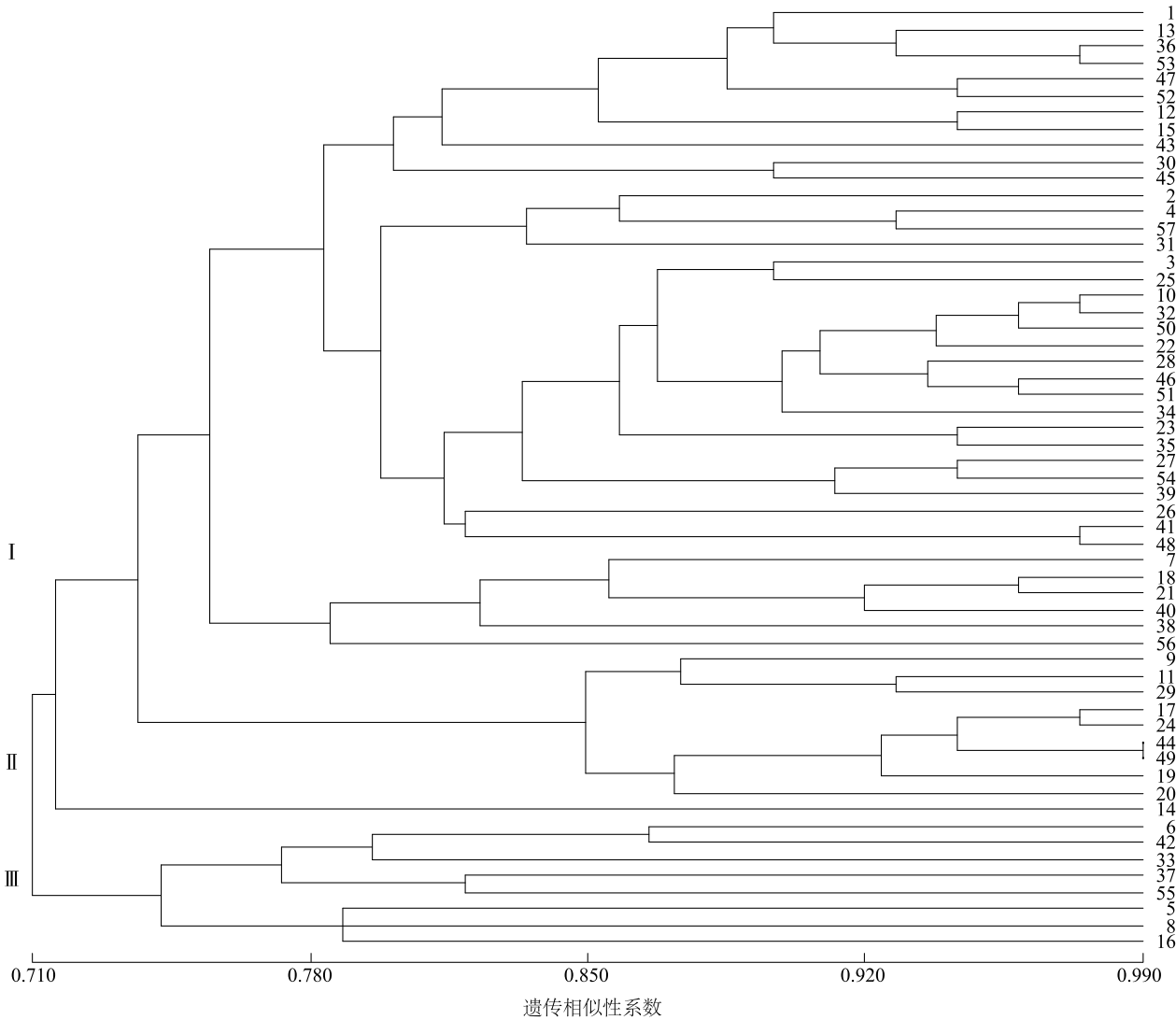
引物编号	扩增总 条带数(条)	多态性 条带数(条)	多态性 比例(%)	多态信息 含量(PIC)
EST181	9	7	77.78	0.78
EST1280	11	9	81.82	0.67
SSR13683	9	6	66.67	0.59
SSR760	5	4	80.00	0.42
SSR13771	8	5	62.50	0.70
SSR11052	7	5	71.42	0.76
SSR10911	9	8	88.89	0.84
EST1142	7	5	71.43	0.75



M:DL 50 bp DNA marker;1~57;序号为 1~57 的 57 份蚕豆种质资源。

图 2 引物 EST1280 的 PCR 扩增结果

Fig.2 The PCR amplification of primer EST1280



1~57;序号为 1~57 的 57 份蚕豆种质资源。

图 3 57 份蚕豆种质资源的单核苷酸分子标记聚类分析结果

Fig.3 Cluster dendrogram of single nucleotide molecular marker in 57 broad bean germplasm resources



A: 楼下蚕豆; B: 江边蚕豆; C: 同兴蚕豆; D: 张村蚕豆。

图 4 江西省的优异蚕豆种质资源

Fig.4 Excellent broad bean germplasm resources in Jiangxi province

3 结论与讨论

现代育种离不开丰富的种质资源^[16-17]而地方品种经过长时间特定环境及农户的定向选择^[18],留下了很多优异性状。广泛收集蚕豆种质资源,对其农艺性状进行观察与分析,并进行精准鉴定与遗传多样性分析,从而了解蚕豆种质资源的多样性及其性状之间的关系,既可为后续加强蚕豆种质资源的有效利用提供材料基础,又可为蚕豆新品种的选育提供参考^[19]。

本研究利用 22 个主要农艺性状对 57 份江西省地方蚕豆种质资源进行遗传多样性分析,结果表明,57 份江西省地方种质资源的农艺性状变异范围较大,变异系数为 4.55%~53.17%,变异系数最小的是生育天数,变异系数最大的是单株粒数。变异系数能够反映性状间的变异程度,变异系数越大,说明性状间存在越丰富的变异类型,越具有改良潜力^[20]。从试验结果看,蚕豆单株粒数的变异系数最大,可通过相关改进技术(品种选育、栽培、温度、光照度)等较大程度地提高总粒数,而生育天数的变异系数最小,可以通过育种手段加以改变,但获得理想目标性状的难度较大^[21]。因此,在高产蚕豆品种选育过程中,首先应该注重单株粒数的提高,之后再考虑其他性状。

农艺性状聚类分析将 57 份蚕豆种质资源分成两大类群;第 I 类群包含 17 份种质资源,第 II 类群包含 40 份种质资源,类群 I 的单株产量较类群 II 显著增加。SSR 标记聚类的结果表明,供试蚕豆种质资源的遗传关系与地理来源间的相关性不大,这与多数前人的研究结果^[22]一致。本研究分别通过主要农艺性状和 SSR 分子标记 2 种方法对江西省地方 57 份蚕豆种质资源进行遗传多样性分析,两者的聚类结果并不完全一致,这种情况在其他作物如辣椒^[23]、梅花^[24]、红三叶^[25]中也曾有报道,原因可能有 2 个:一方面,蚕豆的农艺性状容易受外界环境的影响,导致鉴定结果可能会出现一定的偏差;另一方面,挑选的 8 对核心引物所在的 SSR 位点与所调查的农艺性状可能并不存在一定关联^[26]。

参考文献:

- [1] 尤新新. 蚕豆的酿造性能研究[D]. 广州:华南农业大学, 2016.
- [2] 叶 茵. 中国蚕豆学[M]. 北京:中国农业出版社, 2003.
- [3] 葛 红,赵 娜,缪亚梅,等. 蚕豆耐盐性的研究进展[J]. 农业科学与技术, 2016, 17(3): 569-572.
- [4] 杨生华,刘 荣,杨涛等. 蚕豆种质资源种子表型性状精准评价[J]. 中国蔬菜, 2016(10): 32-40.
- [5] 张 炯,严 斌,高 营,等. 蚕豆种质资源主要农艺性状遗传多样性分析[J]. 浙江农业科学, 2020, 61(6): 1109-1114, 1118.
- [6] 王海飞,宗绪晓. 蚕豆种质资源,抗病育种和 QTL 定位及抗性研究进展[J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(2): 259-270.
- [7] 宗绪晓. 蚕豆种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社, 2006.
- [8] 刘垂珩. 作物数量性状的多元遗传分析[M]. 北京:中国农业出版社, 1991.
- [9] 余 莉,张时龙,王昭礼,等. 秋播蚕豆品种主要农艺性状相关性和通径分析[J]. 湖南农业科学, 2014(22): 4-6.
- [10] 李荣华,夏岩石,刘顺枝,等. 改进的 CTAB 提取植物 DNA 方法[J]. 实验室研究与探索, 2009, 28(9): 14-16.
- [11] 张红岩. 基于 SSR 标记的蚕豆 DNA 指纹图谱构建及品种纯度鉴定[D]. 北京:中国农业科学院, 2018.
- [12] 王风格,赵久然,郭景伦,等. 一种改进的玉米 SSR 标记的 PAGE/快速银染检测新方法[J]. 农业生物技术学报, 2004, 12(5): 606-607.
- [13] 王 晶,焦 燕,任一平,等. Shannon-Wiener 多样性指数两种计算方法的比较研究[J]. 水产学报, 2015, 39(8): 1257-1263.

- [14] 何玉花,张东水,韩用顺,等. 基于 Ward 系统聚类方法的黄河上游干流地区滑坡分类及其特征分析[J]. 中国地质灾害与防治学报, 2018,29(1):46-53.
- [15] 裴鑫德. 多元统计分析及其应用[M]. 北京:农业大学出版社, 1991.
- [16] 陈东亮,钟 楚,林 阳. 药用植物穿心莲种质资源、育种及栽培研究进展[J]. 江苏农业科学, 2020,48(21):34-40.
- [17] 万丽丽,王转茸,范志雄,等. 单倍体诱导创建二倍体技术在油菜遗传育种中的研究进展[J]. 江苏农业科学, 2020,48(10):38-45.
- [18] 石 傅,关 峰,张景云,等. 江西省莧菜种质资源收集与多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 22(3):692-699.
- [19] 徐福荣,董 超,杨文毅,等. 基于表型性状和 SSR 分子标记的云南省水稻主要育成品种(系)的遗传相似性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2011,12(5):700-708.
- [20] 李大伟. 山桐子主要性状变异及优株选择研究[D]. 北京:中国林业科学研究院, 2010.
- [21] 方路斌,罗河月,陈 洁,等. 绿豆主要农艺性状的相关与主成分分析[J]. 河北农业科学, 2018, 22(3):67-69,82.
- [22] 康智明,郑开斌,徐晓俞,等. 不同蚕豆品种农艺及品质性状的遗传多样性分析[J]. 福建农业学报, 2015,30(3):249-252.
- [23] 傅鸿妃,吕晓茜,陈建瑛,等. 辣椒种质表型性状与 SSR 分子标记的遗传多样性分析[J]. 核农学报, 2018, 32(7):1309-1319.
- [24] 赵 靓,罗燕杰,肖思文,等. 基于表型和 SSR 标记的梅花种质资源遗传多样性分析[J]. 分子植物育种, 2019, 17(13):4458-4469.
- [25] 张鹤山,田 宏,熊军波,等. 基于表型性状与 SSR 标记的红三叶遗传多样性分析[J]. 分子植物育种, 2020, 18(23):7935-7942.
- [26] 陶爱芬,刘中华,祁建民,等. 烟草种质资源遗传多样性的 IRAP 和 ISSR 标记比较分析[J]. 武汉植物学研究, 2009,27(6):589-594.

(责任编辑:徐 艳)