

天津和唐山小豆地方品种遗传多样性分析

刘振兴¹, 程须珍², 王丽侠², 王素华², 周桂梅¹, 陈健¹

(¹河北省唐山市农业科学研究院, 唐山 063000; ²中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

摘要:利用 SSR 分子标记对唐山、天津的 96 个红小豆品种(按品种地理来源划分为 14 个品种群)进行遗传多样性分析, 结果表明, 197 对引物中共有 89 对的扩增谱带清晰稳定, 共扩增出 285 条带, 多态性条带百分率(PPB)达 100%, 经 Popgene32 软件分析, 进化品种资源的遗传多样性水平最高[PPB = 85.39%, I(信息指数) = 0.567], 其次为玉田和迁安的品种资源, 而在天津红小豆资源中, 除静海县(排位第 5)外, 遗传多样性水平相对较小, 其中宁河的遗传多样性水平最低(PPB = 22.47%, I = 0.1575)。聚类分析表明, 96 个品种可分为三个组群, 唐山红小豆组群中包含了天津静海小豆; 天津红小豆中的大港品种资源单独为一组群; 其他天津红小豆为第二大组群。本研究可为地方品种的保存及杂交组配提供参考。

关键词:小豆; 地方品种; SSR; 遗传多样性

Genetic Diversity of Adzuki Bean Landrace in Tianjin and Tangshan

LIU Zhen-xing¹, CHENG Xu-zhen², WANG Li-xia²,

WANG Su-hua², ZHOU Gui-mei¹, CHEN Jian¹

(¹Tangshan Academy of Agricultural Sciences, Hebei Provinces, Tangshan 063001;

²Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract: The genetic diversity of 96 adzuki bean landraces in Tangshan and Tianjin was investigated by SSR molecular markers. These materials can be divided into 14 variety group in terms of their geographical origins. 89 out of 197 pairs of primers were detected producing 285 bands, with total percentage of polymorphic bands(PPB) was 100%. The genetic diversity of 'Zunhua' variety group was the highest and that of Yutian and Qianan was second highest. All landraces from Tianjin excluding Jinghai variety group has relatively low genetic diversity and the lowest PPB with 22.47% can be found in Ninghe population. total of 96 accessions are divided into three groups by genetic similarities. Jinghai variety group from Tianjin was included by Tangshan adzuki bean and Dagang variety group from Tianjin was one separate group. The rest accessions of Tianjin adzuki bean from another group. So reference for landraces conservation and selection of diverse parental combinations can be provided by this research.

Key words: Adzuki bean; Landrace; SSR; Genetic diversity

中国是小豆的起源地, 资源拥有量占世界第一位^[1]。但小豆一直被认为是“小作物”, 大多种植在沟边地头及山地丘陵等瘠薄地, 品种也较杂乱。尽管这些年来小豆育种成就颇为显著, 但新品种推广面积并不大, 生产上主要以地方品种为主。唐山红小豆、天津红小豆是我国传统的名优地方品种, 唐山红、天津红是指在唐山、天津地区种植的红小豆品种

的总称, 在国内外享有盛誉, 因其具有较强的抗逆性, 作为亲本, 通过杂交等手段已培育出多个高产优质红小豆新品种^[2], 因此对唐山、天津等红小豆地方品种的搜集、保存及其利用有重要意义。

遗传多样性主要指物种内不同品种的遗传变异。遗传多样性的研究, 有助于了解品种的亲缘关系和群体结构等信息, 对作物品种资源的保护、利用

收稿日期: 2011-05-19 修回日期: 2011-05-26

基金项目: 国家食用豆行业科研(nyhyzx07-017); 国家食用豆产业技术体系建设(CARS-09)

作者简介: 刘振兴, 副研究员, 主要从事食用豆类资源研究与育种工作。E-mail: luzhxing@sohu.com

通讯作者: 程须珍, 研究员。E-mail: Chengxz@caas.net.cn

及其遗传育种具有重要的意义^[3]。我国小豆遗传多样性研究相对薄弱,分子标记常用 AFLP、RAPD 等通用型标记,但是 RAPD 稳定性较差,AFLP 耗费高、操作复杂^[4],在遗传多样性分析中逐渐被 SSR 标记所取代,尤其是近 5 年来 SSR 标记已广泛应用于豆类作物遗传多样性的研究中^[5-9]。前人对小豆遗传多样性的研究大多集中在个体,或是先运用 NTSYS 软件,依据遗传相似系数进行聚类分析,然后根据树型图分组讨论。由于在不同的区域在生产实际中存在着相互引种的现象,根据遗传相似系数划分出的组群,可能与实际有所不同。本试验利用 SSR 分子标记技术,对不同来源的红小豆地方品种群体遗传多样性水平和遗传结构进行分析,旨在揭示唐山红小豆和天津红小豆不同群体的差异及其相互关系,进而为该区域红小豆种质资源的保存、评价及其杂交亲本的选择提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

参试材料 96 份,其中包含唐山红小豆 66 份(玉田 17 份、遵化 12 份、乐亭 13 份、迁安 8 份、迁西 6 份、滦县 6 份、滦南 4 份),天津红小豆 30 份(武清 13 份、静海 5 份、宁河 2 份、宝坻 3 份、蓟县 3 份、大港 1 份、天津 3 份),唐山红小豆由河北省唐山市农业科学研究院提供,天津红小豆由中国农业科学院作物科学研究所提供。

1.2 试验方法

1.2.1 DNA 的提取 将每份种质材料 5 粒种子播种于营养钵内,置 20~25℃ 温室,出苗 10d 左右,从每份材料的 5 株幼苗上采集第 1 个三出复叶刚展开的嫩叶 0.3g 左右,在液氮中研磨成细粉,用 CTAB

法提取基因组 DNA,放入 -20℃ 冰箱备用。

1.2.2 SSR 分析 SSR 引物由中国农业科学院作物科学研究所提供,SSR 分析的 PCR 扩增反应在 Perkin-Elmer GeneAmp PCR System 960 热循环仪上进行,反应体系 20 μ l,包含 10ng/ μ l DNA 模板 3 μ l, 10 \times buffer 2 μ l, 25mmol/L MgCl₂ 1.2 μ l, 2.5mmol/l dNTPs 0.4 μ l 2 μ mol/l 正、反 SSR 引物各 0.75 μ l, 2.5U/ μ l Tag DNA 聚合酶 0.24 μ l, ddH₂O 11.66 μ l。反应程序为 95℃ 预变性 5min; 95℃ 变性 30s, 退火 30s, 72℃ 延伸 30s, 循环 35 次; 72℃ 延伸 5min。用 6% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳分离扩增产物,参照梁宏伟等^[10]的方法快速银染。

1.2.3 数据统计与分析 在电泳图谱上,按照各 SSR 位点 PCR 扩增片段读取数据,同时根据分析软件的要求转换成相应的格式。利用 PopGene 32 软件计算以下参数:多态带数(Number of polymorphic bands, NP); 等位基因平均数(Average numbers of alleles, Na); 有效等位基因数(Effective number of alleles, Ne); 信息指数(Shannon's information index, I)。

2 结果与分析

2.1 SSR 标记的多态性

用 197 对小豆 SSR 引物对 96 份唐山、天津红小豆进行扩增,共有 89 对引物(表 1)扩增出 285 条清晰、多态且能进行准确统计的条带,每对引物扩增的等位基因数在 2~6 个不等,平均为 3.21,其中引物 X167、X187 扩增出的等位变异数为 6,多态性位点的比率 PPB 达 100%,多态信息量(PIC)在 0.021~0.726 之间,其中引物 X30 的 PIC 值最小(0.021),引物 X39 的 PIC 值(0.726)最大。多态信息量变幅较大,说明 96 个小豆品种间存在着较丰富的遗传多样性。

表 1 具有多态性的 89 对引物

Table 1 Polymorphic SSR markers

多态性引物编号 Code of polymorphic primers	引物序列 Primers 5'-3'	退火温度(℃) Annealing temp	等位变异数目 No. of alleles	多态信息 含量 PIC	
X12	ACTGGATGAGGCTTTACTGCG	CTGCTTGTCTTGTGGGTTTCGTTTC	65	2	0.1103
X16	CCACTTTCTCTTGACTTTCC	GACCAAAGTGAAGCCAAGAG	60	3	0.3920
X17	TATAGAGAGCGGAGAAAGGG	AGGGAAACTCAGAACACCTG	60	3	0.4216
X22	CGTTGCAGACGGTGGTGG	GCCTTTGCTTCCCATCCATG	60	5	0.6048
X23	GGGTGATCTCCCCAAAATCG	GACAAATTCTCTGATGCCATTCC	60	3	0.2552
X25	ATAAGTAGAAATTGGTTCAAATG	GGTTCGTTAAAGTAACTTTTAAT	50	5	0.6102

续表

多态性引物编号 Code of polymorphic primers	引物序列 Primers 5'-3'	退火温度(℃) Annealing temp	等位变异数目 No. of alleles	多态信息 含量 PIC	
X26	GCCAAGGTGAACGGTGGTG	GAGCGAGAATGGCCGAAGG	65	5	0.6449
X28	GCATACATAATGTGCTGAGATG	GTCTCGTGCCTTTCACAC	60	3	0.5556
X29	CATTCTGATGAAAAGATCAAGG	CAATGTAACAGACTCACTGG	50	5	0.4818
X30	CCAGGCATCCATGATGACC	GAAGTTGTTGTAATGGTTGCCTC	50	2	0.0206
X31	CAGTTACGAGTCTTGAACCTCAGC	CAGCTCTGTACAAAGCTGTAACCTG	60	3	0.4342
X34	CGGAACAAGAACGGCAGAGTG	GCATCAACAAGGACTTCTGTC	55	2	0.2392
X37	CACTCACTGCAAAGAGCAAC	CTACCTATCTGAGGGACAC	60	4	0.3971
X39	CGATCTCTCTTCTCAAGG	GTGAAGGACTAGCCAAGTTTG	60	5	0.7256
X40	GATTGGGAATCTGCTGTTG	GTGATCCACACACAGTAC	55	3	0.0975
X41	GCAGCAACGCACAGTTTCATGG	GCAAACCTTTTCACCGGTACGACC	60	3	0.3439
X45	TCCCACTTCTCCATTACCTCCAC	GAGATTATCTTCTGGGCAGCAAGG	65	2	0.3749
X47	TCAGCAATCACTCATCTGGG	TGGGACAAAACCTCATGGTTG	60	4	0.5172
X48	GATTGCTTTTAGCAGAGGGC	GAAGAAACCCATCTCGATCC	60	5	0.6827
X50	GGAATTTTCAGAACGGATTTGC	CCACCCACCACGGCCTTC	60	3	0.2989
X52	TCCCAGCTACCCACCTCT	CTTCTACCCAGCCAAACC	60	5	0.6816
X54	GAGGAAGTGTTCAGCACC	GTAGACTCTGCAGAGGGATG	60	3	0.3281
X55	GCATATAAGAAAAGCTTATCC	CTCTTGAGTGATTTGATC	55	3	0.3249
X56	GGTCCCAAAATCACCCAG	GGTTCATTTGGAGCACTGAG	60	3	0.5355
X59	CGTTATGAGAGGGACCACAG	GCATGCAATGCGATGCAACC	55	2	0.3457
X61	GGAATTAGAGATGATTGGAC	CACCACTTCATFATGTATGG	55	4	0.4844
X62	TGGGCTACCAACTTTTCTC	TGAGCCACATCTTCAACACG	60	4	0.6554
X65	ATCAACTGAGGAGCATCATCGA	CAACATTTCAACCTTGGGACAG	60	2	0.1411
X71	GCAGCTTCACATGCATAGTAC	GAACCTTAACTTGGGTTGTCTGC	60	4	0.2783
X75	GCTAAAGCCTAGCTACAGTC	ACTGGTGAACCAACATAG	55	2	0.0400
X76	CAAACACITTTTGTAACTCCC	GCTTCTAACCTTGATCCTTC	55	2	0.0587
X79	CAGGTATTCTCCAGAGAGAC	TGCACCCAAAAGCTGTAAGC	60	4	0.5987
X81	TCTTGTCAATTTAGCACTTAGCAGG	TTCTTCTTACTAAGAGCCCGTGT	65	3	0.4318
X83	CACCGCTGTCCATTGAAGTATTA	TCTTAGAGTGCCCTGTGAGATTG	55	3	0.5384
X84	GAAGTTGACCTTCAATGGAGAAAA	TTGTAGCCTAAAATTAATCCACGC	60	3	0.2093
X87	GTCTTGTCTTCTCTCCATGG	CATCAGCTGTTC AACACCCCTGTG	60	3	0.5063
X88	GCTCTGTCACTTCCCCTACTAC	GGTCTGAACCCAGATGAAC	50	2	0.1103
X90	CCACCAACACTAACCAGTGAAG	GTTCTCCCACACACCATAAC	60	3	0.1990
X92	CCTCAAGTGGGGTTACC	GGTCAACCTCATTTCTCCC	60	3	0.5637
X95	GCTTGCATCACCCATGATTTC	AAGTGATACGGTCTGGTTCC	60	4	0.3353
X98	GCTCTCCATGAATGGAGTTG	TCATTCAATCACCCCTCC	55	4	0.6230
X103	GGGTGTAATCCGTCAGAGGC	CTTCCCCCTCTTCCGTTCTC	60	4	0.4078
X104	GGTCAACAGGAGAGTTAG	CCACCTCTCATTTACCATTTC	45	5	0.2029
X105	CTTGAGAACAACCTCGAACTTC	GGGAAATCGAAGAGGGACAG	60	3	0.3848
X107	CTTAAGGCAGATTACCTG	GCAACGCAAGTTATCAAG	55	3	0.5510
X108	CACTTCCATGATCACTCACC	CACCCCTTCTTATCTCTTTCG	60	3	0.2520

续表

多态性引物编号 Code of polymorphic primers	引物序列 Primers 5'-3'	退火温度(℃) Annealing temp	等位变异数目 No. of alleles	多态信息 含量 PIC	
X109	GATTCCTTCCTAGCTATCG	CTGCTGGACATGAAGATTCAG	60	5	0.3933
X110	CATCTCCCTGAAACTTGTG	GCTATCAATCGAGTGCAG	60	4	0.2846
X111	GAAAAAGTAAGGCTGAGGAAGG	CAAACCTCGTCATTCCACCATG	60	2	0.1103
X112	CCCGATGAACGCTAATGCTG	CGCCAAAGGAAACGCAGAAC	60	2	0.2083
X113	GAAGAAGAACCCTACCACAG	CACCAAAAACGTTCCCTCAG	60	5	0.5453
X114	AACCCAACCAACCCTTGTGGTAAG	GCTGGAATCATAATACCGCCTTGT	60	2	0.1261
X115	CTTTCAAATAATGTTGAGGCATA	CAATACATAAATAACCTTTTCTGC	55	2	0.1555
X120	GATAGAGCTTAAACCCTC	CTTTTGATGACAAATGCC	55	3	0.1463
X121	CAGAACACAAAAGGGTTCTCG	GTGGATTCACTCGCTTCC	60	3	0.3480
X124	TGTAAGGTGACTTTGGCCTCAAG	TTAAGTTGACTCGTTGCCCTTTG	60	2	0.2671
X125	AGCATGGAATCTCAGACTGAGACA	AACAAGATCGAAGAAGTCGCTCAC	60	2	0.3482
X126	TGGAAGTTTCCAAGGGTTTTTC	TCTCACACCTTTTACCTTCTCA	55	3	0.1296
X128	GATGAACTCGTCTCGCTCATCG	CTGGACGCGTCTACTCAGAC	60	2	0.0400
X129	GAGGGATCTCAAAGTTCAACGG	GAAGGCTCCGAAGTTGAAGTTG	60	3	0.2847
X130	CGGGTAGACAAAAGAGATACCG	CTAGCAGAAACAGGAGATCCTC	55	2	0.1261
X136	TGAGGGAATGGGAGAGAGCC	TCCGCAGATAGAGGCTCAG	60	5	0.6651
X138	TGTTGGATGAAAGCGTGTG	CTGTGAGAGGTTCAACAACC	60	2	0.0404
X139	CGGGGTATAACTTTAGCAGC	TAATCAGGCAAAGGTAGCC	60	3	0.4303
X140	AGAAAAGGGTGGCCTCGTTG	GCAGGCATTTCATCGCAG	60	2	0.3696
X141	GGTCCATTGAGACGGATCGAG	TCCCACCTCAGCGGAATCC	60	3	0.4783
X142	CCCCGAAATCCCTACAC	AACACCCGCTCTTTCTCC	60	3	0.3584
X146	TGGAATATACTGTTAATAGAG	AGATTAATTGATCACTCATTC	50	3	0.5879
X147	GTAGAACAGTTATGACACATG	TGTTAACTTCGTTGGGTACAC	50	5	0.6027
X149	GTGTAAAACATGTAGCACGGTG	GGTCTCTCTCTCCCTCTC	55	5	0.6981
X151	GTTGGAGTCTTGCACTGG	CTATCCCCTGATCAGGAGC	55	3	0.4428
X152	GTAGACACTGATCATCAC	GACCATCATCGATACGATTC	60	3	0.0963
X156	CTGTTACGGCACCTGGAAG	GCAGAGACACACCTTAACCTTG	60	2	0.1568
X158	GCCTAAAAGTTAGACGTGGTTC	CACTCCCCTGCCCCAAAGG	60	3	0.0975
X162	CATCTTCTCACCTGCATT	TTTGGTGAAGATGACAGCCC	60	3	0.5430
X165	GGTACAACATTCTTCTATTTG	GGCTTATGAGTTTATCTTATC	45	4	0.6826
X167	GATAAGAGATGCATCACTC	CTTCTCTTCCATCACATCTG	45	6	0.6296
X170	GATCATCGGACAGAGCTTCC	CACTCTCTGCGAATCAATCG	60	2	0.1555
X172	ACCACTTCATAATCCCTGAG	GTTGCATGTATATTTTGGTTAC	55	3	0.3336
X175	TCTCCATAGGAAACCCCTGAAAG	TGGGATCAGTGAATTCGCCAG	60	2	0.2181
X178	CTCCGTGTTGAAAACAATGACC	GCTCTTTCTGATCTAGGAACTTG	60	3	0.4923
X180	GAAGGGAATGAAAATGAAACCC	GTTCAATCCATTCACTCTCC	50	4	0.5440
X185	CAGTTCCTAGTTGCATGTG	CTTGGGCTGAATGTTACC	60	3	0.1498
X187	AACTGGACCTGTACCCTGG	TACAGCCCTCTTGCACCATG	60	6	0.6817
X188	CACACTGCTTTGGGCAACAG	TCAGAGGTTCCCATTTCCTCC	60	2	0.3696
X189	TCAGCAACCTTGCAATTGCAG	TTTCCCGTCACTCTTCTAGG	60	2	0.0204
X193	TATGGCCCGAGCAAACCTTG	CCGTTCCGCTCTTCGGTTGAA	65	4	0.5770
X196	GGTCTTTCTAAGCGGAGCAC	CTGCCTCTCTACACAAGTGG	55	2	0.0939
X198	TTGTATCGAAACGACGACCGAGAT	AACATCAACTCCAGTCTCACAAA	60	2	0.2392

2.2 遗传多样性与群体结构的分析

SSR 鉴定数据,计算各群体小豆种质资源各项遗传多样性参数(表 2)。

2.2.1 不同区域小豆群体遗传多样性比较 依据

表 2 红小豆品种群遗传多样性比较

Table 2 Genetic diversity of adzuki bean resources from different variety group

品种群 Variety group	群体大小 Sample size	平均等位 变异数 N_a	有效等位 变异数 N_e	多态位点 NP	多态位点百分 率(%) PP	香农信息指数 I
玉田	32	2.3647	1.682	70	78.65	0.5543
遵化	23	2.2841	1.708	76	85.39	0.5672
乐亭	25	2.2022	1.6533	68	76.4	0.5136
迁安	16	2.1124	1.7158	68	76.4	0.5341
迁西	12	1.618	1.4106	50	56.18	0.3401
滦县	12	1.8764	1.5809	59	66.29	0.4495
滦南	8	1.7273	1.5439	54	60.67	0.4176
天津	6	1.6292	1.5236	53	59.55	0.3965
武清	25	2.1236	1.5299	68	76.4	0.4648
蓟县	6	1.5	1.4318	38	42.7	0.3077
大港	2	1	1	0	0	0
宝坻	6	1.3295	1.2727	28	31.46	0.2091
宁河	4	1.2273	1.2273	20	22.47	0.1575
静海	9	1.7727	1.5681	50	56.18	0.4123
总体	184	3.2022	1.9675	89	100	0.7276

从表 2 可知,13 个品种群(由于大港只有一个品种,暂不做比较)的遗传性有一定的差异,宁河品种群的多态位点最少为 20 个,比率最低为 22.47%;遵化品种群的多态位点最多为 76 个,比率最高为 85.39%。按检测到的多态位点的大小排序,各群体顺序依次为遵化>玉田>迁安>乐亭>武清>滦县>滦南>静海>天津>迁西>蓟县>宝坻>宁河。群体的等位基因平均数在 1.227~2.284 之间,有效等位基因变动范围在 1.227~1.716 之间,宁河品种群的有效等位基因最低,迁安品种群的有效等位基因最高。用 Shannon 多样性指数估算这 13 个群体间遗传多样性变化幅度在 0.1575~0.5672 之间,各群体间平均遗传多样性的高低顺序依次为遵化>玉田>迁安>乐亭>武清>滦县>滦南>静海>天津>迁西>蓟县>宝坻>宁河。

2.2.2 不同品种群的遗传距离、遗传一致度及其聚类分析 判断群体之间亲缘关系的远近,主要是考察两个遗传参数——遗传距离及遗传一致度,当遗传一致度为 1 时,表明两个群体完全一样;当遗传一致度为 0 是时,表明两群体完全不一样,无亲缘关系,而遗传距离的大小直接反应着亲缘关系的远近^[11]。本研究按 Nei(1978)方法计算品种群体内的遗传一致度和遗传距离,并进行聚类分析。结果显示,遗传一致度的变化范围在 0.568~0.936 之间,遗传距离的变化在 0.066~0.566 之间(表 3),变幅较大,说明这 14 个品种群的亲缘关系较远。其中遵化品种群与乐亭品种群的遗传一致度最高(0.936)、遗传距离最小(0.066),说明遵化品种群与乐亭品种群遗传分化最小、亲缘关系最近,然后再与迁安品种群相聚,说明迁安品种群与这两个品种群亲缘关系相对较近。

表3 14个群体的遗传一致度(右上角)和遗传距离(左下角)

Table 3 Genetic identity (upper right triangle) and genetic distance (lower left triangle) among 14 populations

群体 Population	玉田 Yutian	遵化 Zunhua	乐亭 Laoting	迁安 Qian'an	迁西 Qianxi	滦县 Luanxian	滦南 Luannan	天津 Tianjin	武清 Wuqing	蓟县 Jixian	大港 Dagang	宝坻 Baodi	宁河 Ninghe	静海 Jinghai
玉田		0.9063	0.9046	0.8690	0.8170	0.8276	0.7658	0.7458	0.7939	0.7321	0.5953	0.7472	0.7346	0.8743
遵化	0.0984		0.9363	0.9135	0.8554	0.8709	0.7938	0.7895	0.8071	0.7530	0.6185	0.7730	0.7520	0.8932
乐亭	0.1003	0.0658		0.9205	0.8452	0.8743	0.7761	0.7555	0.7560	0.7237	0.6163	0.7349	0.7074	0.8691
迁安	0.1405	0.0905	0.0829		0.8938	0.8763	0.7831	0.7790	0.7935	0.7622	0.6201	0.7639	0.7353	0.8491
迁西	0.2021	0.1562	0.1682	0.1123		0.8827	0.7106	0.7293	0.7551	0.7274	0.5679	0.7328	0.7113	0.8114
滦县	0.1893	0.1382	0.1344	0.1321	0.1248		0.7697	0.7475	0.8035	0.7801	0.5795	0.7554	0.7519	0.8158
滦南	0.2668	0.2309	0.2535	0.2445	0.3416	0.2618		0.7909	0.8027	0.7167	0.7064	0.7327	0.6943	0.7288
天津	0.2933	0.2364	0.2804	0.2497	0.3157	0.2910	0.2346		0.9038	0.8179	0.6999	0.8467	0.7721	0.7436
武清	0.2308	0.2143	0.2798	0.2313	0.2809	0.2187	0.2198	0.1012		0.8616	0.6501	0.8869	0.8429	0.775
蓟县	0.3118	0.2837	0.3234	0.2715	0.3183	0.2483	0.3331	0.2010	0.1489		0.6214	0.8727	0.8180	0.7054
大港	0.5187	0.4804	0.4840	0.4779	0.5658	0.5455	0.3476	0.3569	0.4307	0.4758		0.6635	0.5896	0.5922
宝坻	0.2914	0.2575	0.3081	0.2694	0.3109	0.2805	0.3110	0.1664	0.1200	0.1361	0.4103		0.9011	0.7048
宁河	0.3085	0.2850	0.3462	0.3075	0.3406	0.2852	0.3648	0.2587	0.1709	0.2009	0.5284	0.1041		0.7269
静海	0.1344	0.1130	0.1403	0.1636	0.2090	0.2036	0.3163	0.2962	0.2549	0.3490	0.5240	0.3498	0.3189	

依聚类分析树形图(图1)可以明显看出,14个品种群分为三大组,第一大组包括除唐山红小豆所有的品种群外,还包含天津红小豆中的静海品种群,且其与玉田品种群有较近的亲缘关系;大港品种群

单独一组;其余的天津红小豆品种群包括天津品种群、武清品种群、蓟县品种群、宝坻品种群、宁河品种群为第二大组。

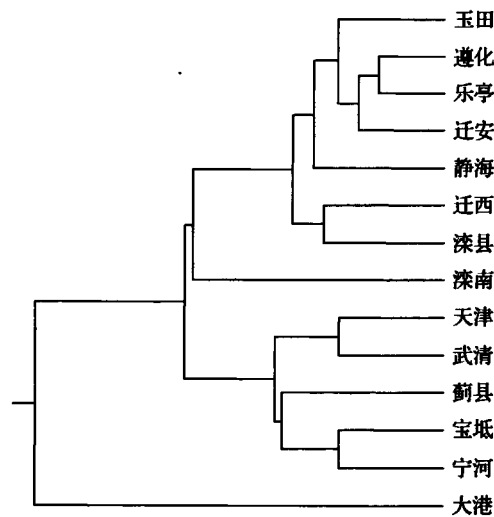


图1 小豆种质资源群体的聚类分析图

Fig. 1 Dendrogram of Adzuki bean germplasm resources based on genetic identity

唐山红小豆品种群之间,遗传一致度在0.7106~0.9363之间、遗传距离在0.0984~0.3416之间,变化较大,说明这7个品种群间的亲缘关系较远,其中遵化品种群和乐亭品种群的亲缘关系最近,首先聚在一起,再先后与迁安品种群、玉田品种群聚成一类;迁西品种群和滦县品种群聚为另一类;滦南单独聚为一类。

万方数据

天津红小豆品种群之间,遗传一致度的变化范围在0.5896~0.9038之间、遗传距离在0.1012~0.5284之间,说明天津红小豆之间的亲缘关系远,天津品种群和武清品种群间的遗传一致度最高(0.9038)、遗传距离最小(0.1012),二者首先聚在一起;然后,宝坻品种群和宁河品种群的遗传关系较近,聚在一类,同时蓟县品种群与宝坻、宁河品种群聚为

一类;静海和大港品种群亲缘关系远,分别单独聚为一类。可见,天津红小豆可分为4类:天津、武清品种群为第1类,蓟县、宝坻、宁河品种群为第2类,静海品种群为第3类,大港品种群为第四类。

3 结论与讨论

同名种质唐山红小豆、天津红小豆存在一定的遗传差异。在唐山红小豆中,遵化和乐亭品种群亲缘关系最近,滦南和迁西品种群的亲缘关系最远;天津红小豆中,天津和武清品种群的亲缘关系最近,宁河和大港品种群的亲缘关系最远。小豆地方品种的遗传背景与地理来源相关,同时也存在着交错的现象,同名种质唐山红小豆与天津红小豆具有分别保存和利用的意义。

王丽侠等^[7]对15份天津红小豆进行遗传多样性分析,平均遗传相似系数为0.81,指出它们的遗传背景存在一定的差异,提出同名种质的红小豆具有分别保存的价值。本试验从遗传距离及遗传一致度也验证了这一观点,天津红小豆7个品种群体间的遗传距离变幅0.1012~0.5284之间,遗传一致度在0.5896~0.9038之间;唐山红小豆7个品种群体间的遗传距离在0.0984~0.3416之间,遗传一致度在0.7106~0.9363之间,说明天津红小豆和唐山红小豆内同名种质不同品种群间的遗传背景有所不同,存在着一定的差异,具有分别保存利用的价值。

以往有关唐山红小豆的研究报导较少,且仅限于数量性状的遗传变异分析及其鉴定与评价^[12-13],本研究首次从分子水平对唐山红小豆进行了群体间的遗传多样性分析,揭示了唐山红小豆不同地理来源群体之间的亲缘关系,为地方种质资源的搜集、保存、利用提供了依据。

前人的研究指出,小豆种质资源呈现一定的地理区域分化^[13]。在本研究中,14个品种群也按地

理来源明显分组,即唐山红小豆为一组,天津红小豆为一组,只是天津红小豆中的静海品种群聚类到唐山红小豆中且与玉田品种群亲缘关系较近,造成这一现象,可能是由于玉田和天津毗邻,农民在生产过程中相互引种造成的。本研究只是对唐山红小豆、天津红小豆品种群间的遗传多样性水平及群体结构进行了分析,下一步针对品种群内个体之间的遗传多样性进行深入研究。

参考文献

- [1] 郑卓杰,王述民,宗绪晓.中国食用豆类学[M].北京:中国农业出版社,1997:173-195
- [2] 程须珍,王述民.中国食用豆类品种志[M].北京:中国农业科学技术出版社,2009:143-146
- [3] 胡志昂,王洪新.遗传多样性的定义、研究进展和新概念[A].北京:生物多样性与人类未来——第二届全国生物多样性保护与持续利用研讨会论文集[C],1996
- [4] 王和勇,陈敏,廖志华,等.PLF、RAPD、ALFP分子标记及其在植物生物技术中的应用[J].生物学杂志,1999(4):24-26
- [5] 王丽侠,程须珍,王素华,等.利用SSR分析小豆种质资源的遗传多样性[J].中国农业科学,2009,42(8):2661-2666
- [6] 徐宁,程须珍,王丽侠,等.用于中国小豆种质资源遗传多样性分析SSR分子标记筛选及应用[J].作物学报,2009,35(2):219-227
- [7] 王丽侠,程须珍,王素华,等.应用SSR分子标记对小豆种质资源遗传多样性分析[J].作物学报,2009,35(10):1858-1865
- [8] 张彩英,李喜焕,常文锁,等.应用SSR标记分析大豆种质资源的遗传多样性[J].植物遗传资源学报,2008,9(3):308-314
- [9] 刘长友,程须珍,王素华,等.用于绿豆种质资源遗传多样性分析的SSR及STS引物的筛选[J].植物遗传资源学报,2007,8(3):298-302
- [10] 梁宏伟,王长忠,李忠,等.聚丙烯酰胺凝胶快速、高效银染方法的建立[J].遗传,2008(10):1379-1382
- [11] 宫慧慧,谢华,马荣才.利用SSR分析小豆种质遗传多样性[J].农业生物技术学报,2008,16(5):872-880
- [12] 刘振兴,龚振平.唐山红小豆种质资源主要数量性状的鉴定与评价[J].杂粮作物,2009,29(3):186-187
- [13] 刘振兴,龚振平,范燕.唐山红小豆地方品种资源数量性状的遗传变异分析[J].中国农学通报,2009,25(12):257-259
- [14] 徐宁,程须珍,王丽侠,等.以地理资源分组和利用表型构建中国小豆核心种质[J].作物学报,2008,34(8):1366-1373

《草地学报》征订启事

《草地学报》是中国科协主管、中国草学会主办、中国农业大学草地研究所承办的学术刊物,是了解草地科学前沿科技、创新成果和草业发展的重要窗口。主要刊登国内外草地科学研究及相关领域的新成果、新理论、新进展,以研究论文为主,兼发少量专稿、综述、简报和博士论文摘要,主要面向从事草地科学、草地生态、草地畜牧业和草业及相关领域的高校师生和科研院、所、站的科研人员。

《草地学报》为中文核心期刊、中国科技核心期刊、中国农业核心期刊、RCCSE中国权威学术期刊,并被多家数据库收录。双月刊,全铜版印刷,彩色四封,国内外公开发行(国内邮发代号:80-135;国外代号:Q1949),每期定价20元,全年120元。

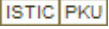
地址:(100193)北京市海淀区圆明园西路2号中国农大动科大楼152室

电话:010-62733894 E-mail:cdxb@cau.edu.cn

天津和唐山小豆地方品种遗传多样性分析

作者: [刘振兴](#), [程须珍](#), [王丽侠](#), [王素华](#), [周桂梅](#), [陈健](#), [LIU Zhen-xing](#), [CHENG Xu-zhen](#), [WANG Li-xia](#), [WANG Su-hua](#), [ZHOU Gui-mei](#), [CHEN Jian](#)

作者单位: [刘振兴](#), [周桂梅](#), [陈健](#), [LIU Zhen-xing](#), [ZHOU Gui-mei](#), [CHEN Jian](#) (河北省唐山市农业科学研究院, 唐山, 063000), [程须珍](#), [王丽侠](#), [王素华](#), [CHENG Xu-zhen](#), [WANG Li-xia](#), [WANG Su-hua](#) (中国农业科学院作物科学研究所, 北京, 100081)

刊名: [植物遗传资源学报](#) 

英文刊名: [Journal of Plant Genetic Resources](#)

年, 卷(期): 2011 (5)

参考文献(14条)

1. [王和勇;陈敏;廖志华](#) [PLFP、RAPD、ALFP分子标记及其在植物生物技术中的应用](#) 1999 (04)
2. [胡志昂;王洪新](#) [遗传多样性的定义、研究进展和新概念](#) 1996
3. [徐宁;程须珍;王丽侠](#) [以地理资源分组和利用表型构建中国小豆核心种质](#) 2008 (08)
4. [程须珍;王述民](#) [中国食用豆类品种志](#) 2009
5. [郑卓杰;王述民;宗绪晓](#) [中国食用豆类学](#) 1997
6. [刘振兴;龚振平;范燕](#) [唐山红小豆地方品种资源数量性状的遗传变异分析](#) 2009 (12)
7. [刘振兴;龚振平](#) [唐山红小豆种质资源主要数量性状的鉴定与评价](#) 2009 (03)
8. [宫慧慧;谢华;马荣才](#) [利用SSR分析小豆种质遗传多样性](#) 2008 (05)
9. [梁宏伟;王长忠;李忠](#) [聚丙烯酰胺凝胶快速、高效银染方法的建立](#) 2008 (10)
10. [刘长友;程须珍;王素华](#) [用于绿豆种质资源遗传多样性分析的SSR及STS引物的筛选](#) 2007 (03)
11. [张彩英;李喜焕;常文锁](#) [应用SSR标记分析大豆种质资源的遗传多样性](#) 2008 (03)
12. [王丽侠;程须珍;王素华](#) [应用SSR分子标记对小豆种质资源遗传多样性分析](#) 2009 (10)
13. [徐宁;程须珍;王丽侠](#) [用于中国小豆种质资源遗传多样性分析SSR分子标记筛选及应用](#) 2009 (02)
14. [王丽侠;程须珍;王素华](#) [利用SSR分析小豆种质资源的遗传多样性](#) 2009 (08)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201105003.aspx