

# 蚕豆种质资源形态标记遗传多样性分析

徐东旭<sup>1,2</sup>, 姜翠棉<sup>1</sup>, 宗绪晓<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> 张家口市农业科学院, 河北省张家口 075000;

<sup>2</sup> 中国农业科学院作物科学研究所/农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程, 北京 100081)

**摘要:**通过对国内外不同地理来源 637 份蚕豆资源的 18 个形态性状评价, 初步了解其遗传多样性特点, 寻找蚕豆种质创新与品种改良遗传基础狭窄问题的解决思路, 为遗传与育种的有机结合提供理论依据。研究结果表明国内春冬性蚕豆资源间, 以及国内外蚕豆资源间的遗传变异大; 三维主成分分析探测到参试资源由三大基因库构成。资源群体间和参试资源基因型间遗传距离的 UPGMA 聚类分析结果, 为蚕豆资源的有效利用提供了科学依据。

**关键词:**蚕豆 (*Vicia faba* L.); 种质资源; 形态性状; 遗传多样性

## Phenotypic Diversity of Faba Bean (*Vicia faba* L.) Germplasm Resources

XU Dong-xu<sup>1,2</sup>, JIANG Cui-mian<sup>1</sup>, ZONG Xu-xiao<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> Zhangjiakou Academy of Agricultural Sciences, Zhangjiakou, Hebei 075000; <sup>2</sup> National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement/Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

**Abstract:** 637 faba bean genotypes sampled from a world collection of various geographical origins were evaluated based on 17 morphological traits, to create initial knowledge with better understanding of their genetic diversity, and to provide useful information for variety improvement in faba bean breeding programs. The research can hopefully break bottleneck of narrow genetic background in faba bean breeding. The results showed large genetic variation between Chinese winter sowing and spring sowing genetic resources, and between Chinese and overseas faba bean genetic resources. Three gene pools were detected and defined by three-dimensional PCA graph. Genetic distance UPGMA clustering analysis provided foundations for effective use of tested genotypes.

**Key words:** Faba bean (*Vicia faba* L.); Genetic resources; Morphological traits; Genetic diversity

蚕豆 (*Vicia faba* L.,  $2n = 12$ ) 是一年生或越年生草本植物, 栽培分布在  $60^{\circ}\text{N}$  至  $48^{\circ}\text{S}$  之间<sup>[1]</sup>。据世界粮农组织 (FAO) 生产年鉴统计, 全世界有 51 个国家生产干蚕豆, 栽培面积最大的 5 个国家依次为中国、埃塞俄比亚、澳大利亚、摩洛哥和埃及; 全世界 45 个国家生产青蚕豆, 栽培面积最大的 5 个主产国依次为中国、玻利维亚、阿尔及利亚、秘鲁和摩洛哥<sup>[2]</sup>。广阔的栽培范围和多样化的生态自然环境造就了丰富的蚕豆种质资源, 形成了蚕豆的遗传多样性。至 2006 年底, 世界 25 个国家和国际干旱地区农业研究所 (ICARDA) 共保存蚕豆资源 39600 余份, 其中野生近缘植

物 98 份。ICARDA 保存的蚕豆种质资源最多 (9016 份), 其次是中国 (5229 份)、澳大利亚 (2665 份)、美国 (2395 份)、土耳其 (2331 份) 和意大利 (2210 份) 等。

中国蚕豆资源研究始于 20 世纪 70 年代, 经过 30 多年的国家农作物种质资源科技攻关, 对国家种质库中保存的蚕豆种质资源进行了农艺性状鉴定, 并对部分资源进行了抗病性、抗逆性和品质性状鉴定<sup>[3]</sup>。本研究通过对世界不同地理来源的蚕豆种质资源进行形态性状遗传多样性分析, 为充分了解遗传关系, 挖掘优异种质材料, 拓宽蚕豆品种改良与种质资源创新基础提供依据。

收稿日期: 2009-12-25 修回日期: 2010-04-28

基金项目: 国家食用豆产业技术体系建设专项 (nycytx-18); 农业部农业行业科研专项 (nyhyzx07-017)

作者简介: 徐东旭, 农业推广硕士, 农艺师, 从事食用豆育种与示范推广。E-mail: xudongxu1972@163.com

通讯作者: 宗绪晓, 博士, 研究员, 从事食用豆类资源、改良及分子标记研究。E-mail: zongxx@mail.caas.net.cn

1 材料与方法

1.1 材料

由国家种质资源库中随机抽取国内外不同地理来源蚕豆种质资源 637 份,占库存蚕豆资源总数的 12.2%。其中国内资源 353 份,分别来自河北(53 份)、安徽(45 份)、广西(5 份)、湖南(57 份)、江西(7 份)、贵州(2 份)、云南(12 份)、青海(83 份)、四川(10 份)、湖北(6 份)、江苏(26 份)、浙江(47 份);国外资源 284 份,分别来自 ICARDA 19 份,亚洲 199 份(叙利亚 152 份、土耳其 6 份、伊拉克 20 份、黎巴嫩 15 份、日本 2 份、伊朗 1 份、约旦 3 份),欧洲 42 份(西班牙 21 份、英国 19 份、瑞典 1 份、法国 1 份),非洲 22 份(摩洛哥 3 份、突尼斯 3 份、埃及 12 份、阿尔及利亚 3 份、苏丹 1 份),美洲 2 份(加拿

大 1 份、乌拉圭 1 份)。  
1.2 方法  
1.2.1 试验设计 试验在张家口市农业科学院张北试验站进行,114°45'E,41°08'N,海拔高度 1393m。试验地为砂壤土,肥力中等,有灌溉条件。试验顺序排列,不设重复,每份材料种植 2 行,行长 6.0m,行距 50cm。于 2008 年 4 月 30 日和 5 月 1 日播种。  
1.2.2 性状调查 性状的观察与记载用《蚕豆种质资源描述规范和数据标准》中的统一标准<sup>[1]</sup>。进行见花期、生育日数、鲜茎色、初荚节位、每花序花数、鲜荚长、鲜荚宽、株高、最高茎节数、节间长度、单株分枝数、单株荚数、单株粒数、粒形、粒色、种脐颜色、百粒重、小区产量共计 18 个农艺性状的调查(表 1)。

表 1 蚕豆种质资源形态多样性鉴定项目及标准  
Table 1 The main morphological characters and their criterion for faba bean germplasm resources

序号 Code	形态性状 Character	记载标准 Criterion for recording
1	生育日数	播种第 2 天至成熟的天数,单位:d
2	见花期	试验小区内见到第一朵花的天数,单位:d
3	每花序花数	开花期,随机选取最高枝从下往上第 2、3、4 个花节上的花序,计数花序的花朵数,计算平均数,精确到 1 位小数
4	初荚节位	开花期,主茎上第 1 个花序所在的节位,单位:节
5	鲜荚长	终花期与成熟期之间,测量 10 荚尖至荚尾的直线长度,单位:cm
6	鲜荚宽	终花期与成熟期之间,测量荚果最宽处的直线宽度,单位:cm
7	株高	成熟期,主茎子叶节到最高茎枝顶端的高度,单位:cm
8	最高茎节数	成熟期,主茎子叶节到最高茎枝顶端的节数,单位:节
9	单株分枝数	成熟期,每株上的所有一级分枝数,单位:个
10	节间长度	株高最高茎枝节数之比
11	单株荚数	成熟期,每株上的所有结荚数,单位:荚/株
12	单株粒数	成熟期,每株上的所有成熟子粒数,单位:粒/株
13	鲜茎色	主茎中部节间的颜色,1 = 绿,2 = 绿、紫,3 = 紫斑纹,4 = 紫
14	粒形	成熟干子粒的形状,1 = 近球形,2 = 阔薄,3 = 阔厚,4 = 窄薄,5 = 窄厚,6 = 中厚
15	粒色	成熟干子粒的外观颜色,1 = 白,2 = 浅绿,3 = 深绿,4 = 黑绿,5 = 灰绿,6 = 绿,7 = 红,8 = 紫,9 = 黑紫
16	种脐颜色	成熟干子粒的种脐颜色,1 = 白,2 = 灰白,3 = 黄,4 = 黑
17	百粒重	100 粒成熟干子粒的重量,单位:g
18	小区产量	小区干子粒总重量,单位:g

1.2.3 数据标准化 各指标性状具有不同的量纲,统计分析时对非数值型性状(质量性状),如粒形、粒色、脐色和花色等予以赋值(表 1);对数值型性状(数量性状)的值进行标准化的无量纲处理,如株高、单株粒重、百粒重等进行分级赋值(表 2)。  
1.2.4 数据统计与分析 采用 Excel 计算性状的平均值、最大值、最小值;标准差与变异系数在 DPS 6.55 软件中完成;Shannon's 信息指数<sup>[4-5]</sup>统

计计算,在 Popgene1.32 软件<sup>[6]</sup>中完成;资源群体参试材料间 Nei78 遗传距离<sup>[7]</sup>计算及群体间遗传距离 UPGMA 聚类图绘制,在 Popgene1.32 软件<sup>[6]</sup>和 MEGA 4.0 软件<sup>[8]</sup>中完成;不同地理来源群体间的遗传多样性差异显著性比较,在 Fstat 2.9.3.2 软件<sup>[9]</sup>中完成;用 NTSYS-pc 2.20d 软件<sup>[10]</sup>完成参试资源间欧氏距离计算。主成分分析(PCA)及三维作图<sup>[11-12]</sup>。

表 2 蚕豆数值型形态性状分级标准

Table 2 Classification of numeral characters and their criterion for faba bean germplasm resources

性状 Character	分级标准 Description of grading								
	1 级	2 级	3 级	4 级	5 级	6 级	7 级	8 级	9 级
生育日数(d)	≤95	96~100	101~105	106~110	111~115	116~120	≥120		
见花期(d)	≤46	47~48	49~50	51~52	53~54	55~56	57~58	59~60	≥61
每花序花数(朵)	1.1~2.0	2.1~3.0	3.1~4.0	4.1~5.0	≥5.1				
初荚节位(节)	≤5	6~7	8~9	10~11	12~13	14~15	≥16		
鲜荚长(cm)	≤4.0	4.1~5.0	5.1~6.0	6.1~7.0	7.1~8.0	8.1~9.0	9.1~10.0	10.1~11.0	≥11.1
鲜荚宽(cm)	≤1.2	1.3~1.4	1.5~1.6	1.7~1.8	1.9~2.0	2.1~2.2	2.3~2.4	2.5~2.6	≥2.7
株高(cm)	≤40	41~45	46~50	51~55	56~60	61~65	66~70	71~75	≥76
最高茎节数(节)	≤8	8.1~10.0	10.1~12.0	12.1~14.0	14.1~16.0	16.1~18.0	≥18.1		
单株分枝数(个)	0	0.1~1.0	1.1~2.0	2.1~3.0	3.1~4.0	4.1~5.0	5.1~6.0	≥6.1	
节间长度(cm)	≤2.5	2.6~3.0	3.1~3.5	3.6~4.0	4.1~4.5	4.6~5.0	5.1~5.5	5.6~6.0	≥6.1
单株荚数(荚)	≤3.0	3.1~6.0	6.1~9.0	9.1~12.0	12.1~15.0	15.1~18.0	18.1~21.0	≥21.1	
单株粒数(粒)	≤5.0	5.1~10.0	10.1~15.0	15.1~20.0	20.1~25.0	25.1~30.0	30.1~35.0	35.1~40.0	≥40.1
百粒重(g)	≤40	41~55	56~70	71~85	86~100	101~115	116~130	131~145	≥146
小区产量(kg)	≤0.20	0.21~0.40	0.41~0.60	0.61~0.80	0.81~1.00	1.01~1.20	1.21~1.40	1.41~1.60	≥1.61

2 结果与分析

2.1 农艺性状间的遗传多样性差异

对 637 份蚕豆种质资源 18 个农艺性状的统计分析结果(表 3)表明,种质资源间性状差异明显,变异范围大,遗传多样性丰富。

平均变异系数为 25.33%。生育日数、见花期、鲜荚长、鲜荚宽、株高、最高茎节数、节间长度、种脐颜色的变异系数小于 20%;粒色的变异系数大于 50%;其他 10 个性状的变异系数在 20%~50%之间。说明参试资源的生育日数、见花期、鲜荚长、鲜荚宽、株高、最高茎节数、节间长度、种脐颜色等一致性较强,变异范围不大;相比之下,粒形、鲜茎色、单株粒数、单株分枝数、单株荚数等性状的变异范围更大。

平均多样性指数为 1.425。14 个数量性状中,株高的多样性指数最高为 1.929,节间长度最低为 1.018,两者相差 0.911;4 个质量性状中,粒形的多样性指数最高为 1.700,脐色最低为 0.127,两者相差 1.573。见花期、株高、单株粒数、百粒重的多样性指数比其他 14 个性状高,说明其遗传多样性更丰富。数量性状的平均多样性指数为 1.55,比质量性状 0.98 平均高 0.57,说明 14 个数量性状的遗传多样性更丰富。

2.1.1 生育日数 生育日数是反映蚕豆生育动态的指标。生育日数的变异范围在全部性状中最为狭窄。生育日数最长 119d,最短 96d,平均为 107d,变

异系数 4.02%,多样性指数平均为 1.077。

2.1.2 经济性状 单株荚数、单荚粒数、百粒重、小区产量是反映蚕豆产量高低的主要经济性状指标。4 个经济性状的变异系数介于 26.95%~37.35%之间,在 14 个数量性状中变异范围相对较大;多样性指数介于 1.511~1.844,表现丰富的遗传多样性,尤其百粒重表现最为丰富。

2.1.3 植株形态特征 除生育日数和经济性状外,株高、最高茎节数、节间长度、初荚节位等 13 个性状是反映蚕豆植株生长发育正常与否的衡量指标。13 个性状的变异系数在 6.56%~68.55%之间,变异范围广泛;其中单株分枝数、鲜茎色、粒形、粒色的变异范围在全部性状中表现最广泛,见花期、鲜荚宽、株高、种脐颜色在 13 个性状中表现最狭窄。13 个性状的多样性指数介于 0.127~1.929 之间,说明性状间遗传多样性程度差异十分明显;其中株高、见花期、百粒重的遗传多样性较高;脐色、鲜茎色、节间长度的遗传多样性较低,在全部性状中表现最为单一。

2.2 资源群体间的遗传多样性差异

637 份蚕豆种质资源来源于亚洲、非洲、欧洲、美洲、ICARDA 以及国内 10 个南方秋播省区和 2 个北方春播省区。群体的遗传多样性指数差异明显,平均为 0.8966。同时国内春播、国内秋播、国外来源 3 个群体间的多样性差异显著性测验表明,上述群体间多样性差异极显著,并与资源的地理分布相关联。

表 3 蚕豆种质资源形态多样性统计分析  
Table 3 Analysis of morphological diversity for faba bean germplasm resources

形态性状 Character	平均值 $\bar{x}$	最大值 Max	最小值 Min	标准差 <i>s</i>	变异系数(%) CV	Shannon's 多样性指数 <i>I</i>
见花期(d)	55	65	46	3.59	6.56	1.866
生育日数(d)	107	119	96	4.28	4.02	1.077
鲜茎色	2.90	4	1	0.88	30.32	0.889
初荚节位(节)	9.1	17	1.5	3.59	27.59	1.439
每花聚花数(朵)	3.2	8.3	1.3	0.73	23.07	1.092
鲜荚长(cm)	7.7	13.1	3.8	1.31	17.04	1.676
鲜荚宽(cm)	2.1	3	0.36	0.28	13.41	1.727
株高(cm)	57.1	87	37	8.46	14.80	1.929
最高茎节数(节)	15.71	24	8	2.05	13.02	1.422
节间长度(cm)	3.69	7.63	1.92	0.68	18.31	1.018
单株分枝数(个)	2.08	11	0	0.72	34.71	1.598
单株荚数(荚)	9.7	21.4	1.1	3.20	32.99	1.511
单株粒数(粒)	20	62	3.2	0.30	37.35	1.805
粒形	3.39	6	1	1.52	44.79	1.700
粒色	2.49	9	1	1.71	68.55	1.204
种脐颜色	3.91	4	1	0.36	9.17	0.127
百粒重(g)	86.70	152	38	23.37	26.95	1.844
小区产量(kg)	0.85	2.60	0.087	0.28	33.20	1.727

2.2.1 不同地理来源资源群体间的形态性状多样性差异 从 17 个不同地理来源的种质资源群体平均变异系数(表 4)分析,美洲、贵州、四川、青海群体的变异程度较高,平均变异系数分别为 37.05%、34.39%、32.68%、29.49%,而非洲、江西、ICARDA 群体的变异程度较低,平均变异系数分别为 15.85%、17.34%、17.58%。

表 4 蚕豆种质资源群间形态性状遗传多样性统计分析  
Table 4 Analysis of morphological diversity for faba bean germplasm resources groups

群体 Group	平均值 $\bar{x}$	最大值 Max	最小值 Min	标准差 <i>s</i>	变异系数(%) CV	Shannon's 多样性指数 <i>I</i>
河北	4.25	9	1	1.86	22.49	0.959
青海	3.74	9	1	1.63	29.49	1.110
浙江	4.25	9	1	1.45	20.94	1.055
安徽	4.27	9	1	1.55	22.31	1.070
广西	4.03	7	1	1.45	18.81	0.638
贵州	4.25	8	2	1.46	34.39	0.347
湖北	3.92	8	1	1.70	27.88	0.874
湖南	4.10	9	1	1.52	26.09	1.134
江苏	4.57	8	1	1.52	19.24	1.016
江西	4.72	9	1	1.79	17.34	0.817
四川	3.45	8	1	1.38	32.68	1.003
云南	3.31	7	1	1.30	28.17	0.874
亚洲	4.10	9	1	1.51	25.10	1.241
ICARDA	4.04	7	2	1.17	17.58	0.792
欧洲	3.96	9	1	1.53	24.26	1.127
非洲	4.19	8	1	1.31	15.85	0.857
美洲	4.14	7	2	1.53	37.05	0.308
平均值	4.08	8.24	1.18	1.51	24.69	0.896

蚕豆种质资源群体的平均多样性指数为0.896。17 个地理来源中,199 份亚洲蚕豆种质资源群体的多样性指数最高为 1.241,其次 57 份湖南群体多样性指数 1.134、45 份欧洲群体多样性指数 1.127、83 份青海群体多样性指数 1.110、45 份安徽群体多样性指数 1.070、47 份浙江群体多样性指数 1.055,说明这 6 个群体的遗传多样性较丰富;而 2 份美洲群体多样性指数 0.308、2 份贵州群体多样性指数 0.347、5 份广西群体

多样性指数 0.638、19 份 ICARDA 群体多样性指数 0.792,4 个群体的多样性指数较低;其他 7 个群体的遗传多样性介于以上两者之间。  
2.2.2 国内省际蚕豆种质资源群体间的形态多样性差异 国内 12 个省蚕豆种质资源群体的平均变异系数介于 17.34%~34.49%之间,贵州、四川、青海的变异系数分别为 34.49%、32.68%、29.49%,变异范围较大;江西、广西、江苏的变异系数分别为 17.34%、18.81%、

19.24%,变异范围较小;国内 12 个群体中 353 份蚕豆种质资源群体的多样性指数在 0.347~1.134 之间,湖南、青海的多样性指数较高,分别为 1.134、1.110;广西、江西的多样性指数较低,分别为 0.638、0.817。

**2.2.3 国内春、秋播区蚕豆种质资源群体间的形态多样性差异** 春播区(北方)与秋播区(南方)蚕豆种质资源群体的最大值分别为 7.17 和 6.89,最小值分别为 1.67 和 1.33,北方群体略高于南方群体;而北方群体的综合平均值略低于南方群体,分别为 4.06 和 4.11;北方和南方蚕豆种质资源群体的平均变异系数分别为 31.90%和 21.17%,其变异范围北方群体比南方群体更大;北方和南方 2 个群体中,北方 136 份蚕豆种质资源群体的多样性指数为 1.237,比南方 217 份蚕豆种质资源群体的多样性指数 1.355 低 0.109,说明南方蚕豆种质资源群体的遗传多样性略高于北方群体。

**2.2.4 洲际间蚕豆种质资源群体间的形态多样性差异** 来自美洲、亚洲、欧洲、ICARDA、非洲等 5 个蚕豆种质资源群体的平均变异系数分别为 37.05%、25.10%、24.26%、17.58%、15.85%,美洲、亚洲、欧洲的变异范围较大;ICARDA、非洲的变异范围较小;5 个国外群体中,284 份蚕豆种质资源群体的多样性指数在 0.308~1.241 之间,亚洲、欧洲多样性指数较高,分别为 1.241、1.127;非洲、ICARDA、美洲的多样性指数较低,分别为 0.857、0.792、0.308。说明亚洲资源多样性广泛,美洲资源多样性狭窄。

**2.2.5 国内外蚕豆种质资源群体间的形态多样性差异** 国内与国外蚕豆种质资源群体的综合平均值分别为 4.11 和 4.06,最大值分别为 7.56 和 7.11,国内

群体略高于国外群体;而国内群体的最小值略低于国外群体,分别为 1.17 和 1.50;国内和国外蚕豆种质资源群体的平均变异系数分别为 32.75%和 25.24%,说明国内群体的变异范围比国外群体大;国内和国外 2 个群体中,国内 353 份蚕豆种质资源群体的多样性指数为 1.457,比国外 284 份蚕豆种质资源群体的多样性指数 1.228 高 0.229,说明国内蚕豆种质资源群体的遗传多样性高于国外群体。

17 个不同地理来源蚕豆群体间的多样性差异显著性测验表明(表 5),国内春播区(北方)与秋播区(南方)间遗传多样性差异,除了河北与贵州资源群体的遗传多样性差异不显著外,其他国内春播区(北方)与秋播区(南方)的资源群体间均存在显著的遗传多样性差异。省际间遗传多样性差异,贵州资源与除青海之外的其他 10 个省资源群体间的遗传多样性差异不显著,湖北、广西资源与四川、云南、湖南、江西资源群体间的遗传多样性差异不显著,湖北资源与安徽、广西资源群体间的遗传多样性差异不显著,四川资源与江西资源群体间的遗传多样性差异不显著,其他各省际间资源群体间均存在显著的遗传多样性差异。国内外间遗传多样性差异,除了贵州与 ICARDA、非洲、亚洲、欧洲资源群体间,广西与 ICARDA 资源群体间,各省与美洲资源群体间无显著差异外,其他各省与国外资源群体间均存在显著的遗传多样性差异。洲际间遗传多样性差异,除了美洲与其他洲际资源间、欧洲与非洲资源群体间无显著的遗传多样性差异,其他各洲际间均存在显著的遗传多样性差异。

表 5 不同地理来源的蚕豆群体间的多样性差异显著性测验

Table 5 Significance test on difference in genetic diversity between geographical groups of faba bean germplasm resources

	安徽	非洲	广西	贵州	河北	湖北	湖南	江苏	江西	美洲	欧洲	青海	四川	亚洲	云南	浙江
ICARDA	*	*	NS	NS	*	*	*	*	*	NS	*	*	*	*	*	*
安徽		*	*	NS	*	NS	*	*	*	NS	*	*	*	*	*	*
非洲			*	NS	*	*	*	*	*	NS	NS	*	*	*	*	*
广西				NS	*	NS	NS	*	NS	NS	*	*	NS	*	NS	*
贵州					NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	*	NS	NS	NS	NS
河北						*	*	*	*	NS	*	*	*	*	*	*
湖北							NS	*	NS	NS	*	*	NS	*	NS	*
湖南								*	*	NS	*	*	*	*	*	*
江苏									*	NS	*	*	*	*	*	*
江西										NS	*	*	NS	*	*	*
美洲											NS	NS	NS	NS	NS	NS
欧洲												*	*	*	*	*
青海													*	*	*	*
四川														*	*	*
亚洲															*	*
云南																*

17 个不同地理来源群体间经 2720 次多重比较。5% 显著水平下: \* 代表差异显著,NS 代表差异不显著  
Pvalues obtained after 2720 permutations. Adjusted nominal level (5%) for multiple comparisons. \* stands for significant, NS stands for not significant

## 2.3 蚕豆种质资源聚类分析

**2.3.1 不同地理来源群体间聚类分析** 利用 Popgene 1.32 软件获得 17 个不同地理来源群体间 Nei78 遗传距离,供试资源群体间的遗传距离变化范围介于 0.035 ~ 1.254 之间,显示群体间亲缘关系远近不一;使用 MEGA 4 软件联合处理,利用群体间 Nei78 遗传距离进行 UPGMA 聚类分析,结果显示国内春播、国内秋播、国外来源间,省与省间,大洲间,亲缘关系呈现规律性差异(图 1)。国内外资源主要体现为 3 大类群,秋播区浙江、江苏、安徽的资源与国外资源相近构成类群 I;较为典型的是国内秋播蚕豆面积最大的云南与青海、河北的春播资源亲缘关系较近,构成类群 II;秋播区湖南、湖北、贵州、四川、广西、江西的资源构成类群 III。3 大类群显示生态气候条件相似蚕豆资源群间的遗传距离较小或亲缘关系很近,表现出了明显的地理来源相关性。国内、外蚕豆资源群间差异明显;国内春、秋播区资源间差异明显。

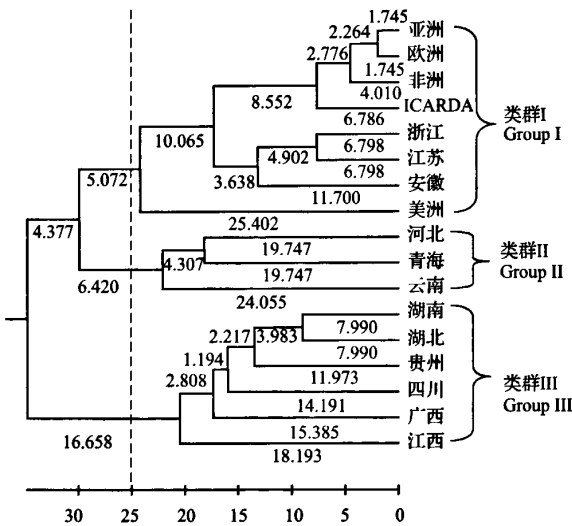


图 1 基于形态性状数据的种质资源来源地间

Nei78 遗传距离 UPGMA 聚类图

Fig. 1 Dendrogram of geographical groups of faba bean landraces using UPGMA based on Nei78 genetic distance

**2.3.2 参试品种聚类分析** 采用参试资源间 Nei78 遗传距离,利用 NTSYS-pc 2.2d 软件,对 637 份蚕豆种质进行 UPGMA 聚类分析,结果显示参试资源分为 6 个组群。

第 1 组群:生育期最长,株高较矮,节间长度短,单株分枝少,单株荚数少,百粒重较高,小区产量水平偏低。资源合计 36 份,青海 16 份,占组内资源的 44.4%;

叙利亚 10 份,占组内资源的 27.8%;其次安徽 4 份,浙江 2 份,ICARDA 2 份,伊拉克 1 份,湖北 1 份。

第 2 组群:生育期较短,主要体现为早熟材料,植株普遍矮小,节间长度短,单株粒数最少,产量水平偏低。资源合计 120 份,叙利亚 22 份,占组内资源的 18.3%;青海 19 份,占组内资源的 15.8%;湖南 15 份,占组内资源的 12.5%;其次安徽 12 份,云南 7 份,浙江 7 份,ICARDA 6 份,英国 5 份,伊拉克、黎巴嫩、西班牙各 4 份,河北 3 份,江苏、广西、四川各 2 份,土耳其、埃及、阿尔及利亚、瑞典、约旦各 1 份。

第 3 组群:初花节位较低,每花絮花数较少,百粒重较低。资源合计 220 份,叙利亚 44 份,占组内资源的 20%;河北 26 份,占组内资源的 11.8%;青海 25 份,占组内资源的 11.4%;湖南 23 份,占组内资源的 10.5%;其次安徽 14 份,浙江 14 份,江苏 11 份,西班牙 9 份,埃及 8 份,伊拉克 7 份,ICARDA 6 份,黎巴嫩、英国各 5 份,四川 4 份,土耳其、突尼斯、江西各 3 份,约旦、伊拉克各 2 份,云南、日本、伊朗、加拿大、阿尔及利亚、湖北各 1 份。

第 4 组群:开花较晚,茎节数最高,节间长度较长,初花节位较高,单株荚数、粒数较多。资源合计 137 份,叙利亚 37 份,占组内资源的 27%;青海 16 份,占组内资源的 11.7%;浙江 14 份,占组内资源的 10.2%;其次湖南 12 份,河北、安徽各 8 份,西班牙 6 份,江苏 5 份,ICARDA、英国、伊拉克各 4 份,黎巴嫩、埃及各 3 份,摩洛哥、湖北、广西、贵州各 2 份,阿尔及利亚、乌拉圭各 1 份。

第 5 组群:初花节位最高,茎节数较多,植株较高,节间长度较长,单株分枝数最多,花絮花数最少,鲜荚较宽,产量水平较高。资源合计 79 份,叙利亚 25 份,占组内资源的 31.6%;其次浙江 8 份,河北 6 份,湖南、江苏各 6 份,英国、安徽各 4 份,四川、青海、云南各 3 份,ICARDA 2 份,土耳其、伊拉克、西班牙、日本、黎巴嫩、摩洛哥、苏丹各 1 份。

第 6 组群:开花普遍较晚,生育期较长,株高最高,茎节数最多,单株荚数、粒数最多,长荚、宽荚多,百粒重高,产量水平最高。资源合计 45 份,亚洲 44 份,占组内资源的 97.8%;欧洲 1 份。

**2.3.3 根据主成分聚类** 利用 NTSYS-pc 2.2d 软件进行的主成分三维作图分析表明,第 1 主成分的贡献率为 52.24%,第 2 主成分的贡献率为 39.37%,第 3 主成分的贡献率为 8.39%,合计为 100%。将国内外蚕豆资源作为一个混合群体,以每份国内外参试资源的三维主成分数据绘制主成分分析三维聚

类图(3D-PCA)。该三维 PCA 聚类图显示,国内外蚕豆资源分化成了 3 个富集区,之间存在少量相互渗透,应属于 3 个明显不同的基因库(图 2)。基因库 I 由国内春播区资源富集而成,基因库 II 由中国秋播区资源富集而成,基因库 III 由国外资源富集而

成。同时利用 Fstat 2.9.3.2 软件进行国内春播、国内秋播、国外来源 3 个群体间的多样性差异显著性测验表明,上述群体间多样性差异显著。由此说明国内秋播区蚕豆种质资源的遗传多样性最为广泛,而且基因库资源丰富。

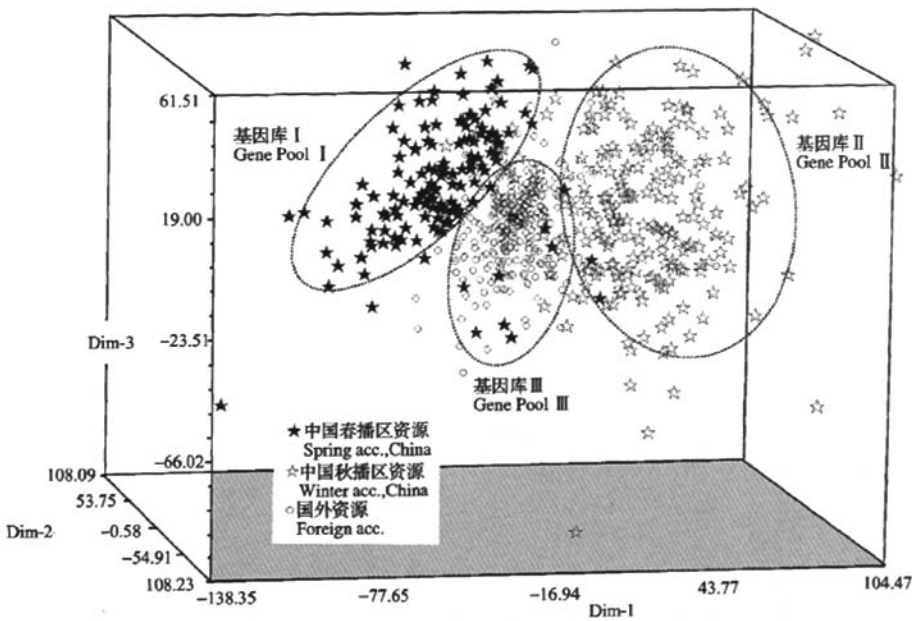


图 2 基于国内外 637 份蚕豆资源形态性状间欧氏平方距离绘制的三维 PCA 图

Fig.2 3D PCA graph of 637 global faba bean collections using Euclid square distance based on morphological characters

3 讨论

3.1 形态性状的遗传多样性

18 个形态性状中,株高、见花日数、百粒重、单株粒数、鲜荚宽、小区产量、粒形、每花絮花数、节间长度、单株荚数等 10 个性状的平均多样性指数比生育日数、鲜茎色、初荚节位、鲜荚长、最高茎节数、单株分枝数、粒色、种脐颜色等 8 个性状的遗传多样性更丰富。其中株高的遗传多样性最为丰富,多样性指数为 1.929;种脐颜色的遗传多样性最为狭窄,多样性指数仅为 0.127;其次是鲜茎色多样性指数为 0.889;说明蚕豆种质资源除了固有的特性外,其他性状更易受环境影响因而变异潜力更大有关。

3.2 国内外蚕豆资源的遗传变异较大

根据 18 个形态性状的多样性分析表明,637 份蚕豆种质资源的遗传多样性比较丰富,平均多样性指数为 1.425。18 个形态性状中,株高、鲜

荚宽、单株荚数、单株粒数、百粒重等 10 个性状的平均多样性指数比生育日数、鲜荚长等 8 个性状的遗传多样性较为丰富,遗传多样性指数高出 74%。从单个形态性状来看,株高的遗传多样性最为丰富,多样性指数为 1.929,为蚕豆育种亲本的选择提供了理论依据。637 份蚕豆种质资源中,国内资源的遗传多样性比国外资源丰富,南方资源的遗传多样性比北方资源丰富,与 Zong 等<sup>[13-14]</sup>利用分子标记对国内外不同来源蚕豆资源遗传多样性的研究结果相符,说明形态性状也可很好地揭示蚕豆的遗传多样性。国内资源遗传多样性指数湖南最高为 1.134,贵州最低为 0.345;国外资源遗传多样性指数亚洲最高为 1.241,美洲最低为 0.308。

国内外资源间的遗传多样性差异可能与参试资源的份数多少有关;南方(秋播区)生态条件比北方(春播区)更为多样化而造成参试资源性状出现更大差异有关,各地资源的丰富程度与

参试资源性状差异以及参试资源的多少有关。

### 3.3 聚类分析结果为参试资源的有效利用提供了依据

根据形态性状欧氏距离将供试资源聚成了 6 个组群:其中第 1 组群具有生育期最长、百粒重较高的特点,是选择晚熟高产品种的重要材料;第 5 组群具有植株较高、单株分枝数多、产量水平较高的特点,是选择优质高产品种的重要材料;第 6 组群具单株荚数、粒数最多,长荚、宽荚多,百粒重高,产量水平高的特点,是选择长荚大粒蔬菜型品种的重要材料。

### 3.4 蚕豆资源构成了三大基因库

通过三维主成分聚类图分析,发现和确定了参试资源归为 3 个基因库。基因库 I 由国内春播区(北方)资源富集而成,基因库 II 由中国秋播区(南方)资源富集而成,基因库 III 由国外资源富集而成,3 个基因库间的多样性差异达显著水平,并与资源的地理分布相关联。该研究结论也很好地呼应了 Zong 等<sup>[13-14]</sup>利用分子标记的研究结果,即国内外不同来源春冬性蚕豆资源间的遗传多样性存在明显差异。Zeid 等<sup>[15]</sup>利用 AFLP 标记对亚洲、欧洲、非洲来源的 79 份蚕豆核心资源研究结果也表明,中国基因库与欧洲基因库间、亚洲基因库与非洲基因库间很可能存在不同的进化途径。不仅中国蚕豆资源表现特殊,宗绪晓等<sup>[16-18]</sup>利用 SSR 标记研究也发现国内春、秋播区和国外豌豆种质资源属于不同基因库,而且中国豌豆资源的遗传多样性明显高于国外资源。在小麦<sup>[19]</sup>、豌豆<sup>[20]</sup>等其他作物遗传多样性的研究中,也发现同一个栽培种的资源在不同的地区形成了不同的基因库,应当是由长期地理隔离引起生殖隔离造成的。中国传统的蚕豆栽培多位于边远山区,长期交通不便和气候差异甚于国外蚕豆起源地和主产区,历史上由此形成的长期相互隔离的农业生产系统对中国地方蚕豆品种基因库的形成可能起到过重要作用。

### 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
- [2] FAO. Statistical database, Food and Agriculture Organization (FAO) of the United Nations, Rome [DB/OL]. [2009-03-28]. <http://faostat.fao.org>
- [3] 宗绪晓,包世英,关建平,等.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
- [4] Pielou E C. An introduction to mathematical ecology[M]. New York: Wiley-Interscience, 1969
- [5] Lewontin R C. The apportionment of human diversity[J]. *Evol Biol*, 1972, 6: 381-398
- [6] Yeh F C, Yang R C, Boyle T. Popgene version 1.31 quick user guide[M]. Canada:University of Alberta, and Centre for International Forestry Research, 1999
- [7] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals[J]. *Genetics*, 1978, 89: 583-590
- [8] Tamura K, Dudley J, Nei M, et al. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2007, 24: 1596-1599
- [9] Goudet J. FSTAT (ver. 1.2): A computer program to calculate *F*-statistics[J]. *J Hered*, 1995, 86: 485-486
- [10] Rohlf F. NTSYS-pc ver. 2.2: Numerical Taxonomy System [M]. New York: Exeter Publishing, 2006
- [11] Flury B N. Common principal components in *k* groups[J]. *J Am Stat Assoc*, 1984, 79: 892-898
- [12] Flury B N, Constantine G. The F-G diagonalization algorithm [J]. *Appl Stat*, 1985, 34: 177-183
- [13] Zong X X, Liu X J, Guan J P, et al. Molecular variation among Chinese and global winter faba bean germplasm[J]. *Theor Appl Genet*, 2009, 118: 971-978
- [14] Zong X X, Guan J P, Wang S M, et al. Molecular variation among Chinese and global germplasm in spring faba bean areas [J]. *Plant Breed*, 2010, doi: 10. 1111/j. 1439-0523. 2009. 01718. x (online publication)
- [15] Zeid M, Schon C C, Link W. Genetic diversity in recent elite faba bean lines using AFLP markers[J]. *Theor Appl Genet*, 2003, 107: 1304-1314
- [16] 宗绪晓,关建平,王述民,等.中国豌豆地方品种 SSR 标记遗传多样性分析[J]. *作物学报*, 2008, 34(8): 1330-1338
- [17] 宗绪晓,关建平,顾竟,等.中国和国际豌豆核心种质群体结构与遗传多样性差异分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2009, 10(3): 347-353
- [18] 宗绪晓,关建平,顾竟,等.世界栽培豌豆(*Pisum sativum* L.) 资源群体结构与遗传多样性分析[J]. *中国农业科学*, 2010, 43(2): 240-251
- [19] Rajaram S. Approaches for breaching yield stagnation in wheat [J]. *Genome*, 1999, 42: 629-634
- [20] Redden B, Leonforte T, Ford R, et al. Pea (*Pisum sativum* L.) [M]//Singh R J Jauhar P P. Genetic Resources, Chromosome Engineering, and Crop Improvement: Volume 1. Grain legumes. Boca Raton, USA: CRC Press, 2005: 49-83



作者: 徐东旭, 姜翠棉, 宗绪晓, XU Dong-xu, JIANG Cui-mian, ZONG Xu-xiao  
作者单位: 徐东旭, XU Dong-xu(张家口市农业科学院, 河北省张家口, 075000; 中国农业科学院作物科学研究所/农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程, 北京, 100081), 姜翠棉, JIANG Cui-mian(张家口市农业科学院, 河北省张家口, 075000), 宗绪晓, ZONG Xu-xiao(中国农业科学院作物科学研究所/农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程, 北京, 100081)  
刊名: 植物遗传资源学报 ISTIC PKU  
英文刊名: JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES  
年, 卷(期): 2010, 11(4)

## 参考文献(20条)

- 1.Redden B;Leonforte T;Ford R Pea (Pisum sativum L.) 2005
- 2.Rajaram S Approaches for breaching yield stagnation in wheat 1999
- 3.Goudet J FSTAT (ver.1.2):A computer program to calculate F-statistics 1995
- 4.Tamura K;Dudley J;Nei M MEGA4:Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0 2007
- 5.Nei M Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals 1978
- 6.Yeh F C;Yang R C;Boyle T Popgene version 1.31 quick user guide 1999
- 7.Lewontin R C The apportionment of human diversity 1972
- 8.Pielou E C An introduction to mathematical ecology 1969
- 9.宗绪晓;包世英;关建平 蚕豆种质资源描述规范和数据标准 2006
- 10.FAO Statistical database,Food and Agriculture Organization (FAO) of the United Nations,Rome 2009
- 11.宗绪晓;关建平;顾竟 世界栽培豌豆(Pisum sativum L.)资源群体结构与遗传多样性分析[期刊论文]-中国农业科学 2010(02)
- 12.宗绪晓;关建平;顾竟 中国和国际豌豆核心种质群体结构与遗传多样性差异分析[期刊论文]-植物遗传资源学报 2009(03)
- 13.宗绪晓;关建平;王述民 中国豌豆地方品种SSR标记遗传多样性分析[期刊论文]-作物学报 2008(08)
- 14.Zeid M;Schon C C;Link W Genetic diversity in recent elite faba bean lines using AFLP markers[外文期刊] 2003(7)
- 15.Zong X X;Guan J P;Wang S M Molecular variation among Chinese and global germplasm in spring faba bean areas 2010
- 16.Zong X X;Liu X J;Guan J P Molecular variation among Chinese and global winter faba bean germplasm [外文期刊] 2009(5)
- 17.Flury B N;Constantine G The F-G diagonalization algorithm[外文期刊] 1985
- 18.Flury B N Common principal components in k groups 1984
- 19.Rohlf F NTSYS-pc ver.2.2:Numerical Taxonomy System 2006
- 20.郑卓杰;王述民;宗绪晓 中国食用豆类学 1997