

豌豆种质资源形态标记遗传多样性分析

贺晨帮^{1, 2}, 宗绪晓¹

(¹中国农业科学院作物科学研究所/国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程, 北京 100081; ²青海省农林科学院作物所, 西宁 810016)

摘要: 通过对国内外不同地理来源 624 份豌豆资源 20 个形态性状的评价, 初步了解其遗传多样性特点, 为解决种质创新与品种改良遗传基础狭窄问题提供思路。对性状表现平均值、变异系数、遗传多样性指数研究结果表明, 国内外不同地理来源豌豆资源群间的遗传变异大; 三维主成分分析探测到参试资源由国内和国外两大基因库构成; 资源群体间遗传距离的 UPGMA 聚类分析结果也表明, 国内外豌豆资源聚成两大不同类群, 印证了三维主成分分析得到的豌豆资源两大基因库构成的结论。本研究证明基于形态性状评价的遗传多样性分析结果同样可靠。

关键词: 豌豆; 种质资源; 形态性状; 遗传多样性

Genetic Diversity of Pea (*Pisum sativum* L.) Gemplasm Resources Revealed by Morphological Traits

HE Chen-bang^{1, 2}, ZONG Xu-xiao¹

(¹National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081; ²Qinghai Academy of Agriculture and Forestry, Xining 810016)

Abstract 624 pea genotypes sampled from a world collection of various geographical origins were evaluated based on 20 morphological traits to create initial knowledge with better understanding of their genetic diversity and to provide useful information for variety improvement in pea breeding programs. Large genetic variation among geographic origin based groups of genetic resources were revealed by comparison of mean value, CV, genetic diversity index of their 20 morphological traits. Two gene pools, a Chinese gene pool and a oversea gene pool, were detected and defined by three-dimensional PCA graph method. Genetic distance based UPGMA clustering analysis provided the same results for support. The results testified the reliability of morphological traits based genetic diversity analysis.

Key words Pea (*Pisum sativum* L.); Gemplasm resources; Morphological traits; Genetic diversity

豌豆 (*Pisum sativum* L., $2n=14$) 是一年生或越年生草本植物, 起源于亚洲西部、地中海地区和埃塞俄比亚、小亚西亚西部和外高加索, 在中国约有 2000 多年的栽培历史^[1]。我国古代一些主要农书对豌豆均有记载, 如三国时张揖所著的《广雅》宋朝苏颂的《图经本草》载有豌豆植物学性状及用途; 元朝《王桢农书》讲述过豌豆在中国的分布; 明朝李

时珍的《本草纲目》和清朝吴其浚的《植物名实图考长编》对豌豆在医药方面的用途均有明确记载^[1]。据 FAO 最新统计资料, 全世界约有 94 个国家生产干豌豆, 其中 76 个国家同时生产青豌豆^[2], 分布区域从热带、亚热带直至 56°N 的广大区域内, 如收获嫩豆其栽培区域扩大到 68°N^[3]; 2001–2007 年, 我国平均干豌豆收获面积 95.57 万 hm^2 、总产 127.07

收稿日期: 2010-04-16 修回日期: 2010-07-09

基金项目: 国家食用豆产业技术体系建设专项 (nycyb-18); 农业部作物种质资源保护项目 (NB09-2130135-1-09); 国家“十一五”科技支撑计划项目 (2006BAD13B05, 2006BAD02B08)

作者简介: 贺晨帮, 硕士, 研究员, 从事豌豆育种与示范推广。E-mail: hcb7033@sina.com

通讯作者: 宗绪晓, 博士, 研究员, 从事食用豆类资源改良、分子标记及耕作体系研究。E-mail: zongxx@mail.caas.net.cn

万 t 分别占世界总量的 15. 02% 和 12. 17%, 仅次于加拿大; 我国青豌豆收获面积 22. 98 万 hm²、总产 2071. 03 万 t 分别占世界总量的 21. 29% 和 26. 00%, 仅次于印度^[2]。中国是名副其实的世界第二大豌豆主产国, 广阔的地理分布范围和多样化的生境造就了丰富的豌豆种质资源, 形成了豌豆的遗传多样性。

中国豌豆资源收集和研究始于 20 世纪 60 年代, 目前国家种质资源库中已保存豌豆资源 5000 余份^[4]。但是, 国内豌豆资源形态性状标记遗传多样性研究以及研究结果的可靠性, 尚未见报道。本研究拟通过对国内外不同地理来源豌豆种质资源进行形态性状遗传多样性分析, 了解其遗传多样性程度, 挖掘优异种质材料, 拓宽豌豆品种改良与种质资源创新基础, 验证形态性状标记遗传多样性研究的可靠性。

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豌豆种质资源 624 份, 占库存豌豆资源总数的 12. 5%。其中国内资源 423 份, 270 份来自新疆 (86 份)、甘肃 (15 份)、河北 (26 份)、吉林 (17 份)、辽宁 (15 份)、内蒙古 (5 份)、宁夏 (16 份)、北京 (42 份)、青海 (42 份)、陕西 (6 份) 共 10 个北方省区市, 153 份来自安徽 (32 份)、广西 (9 份)、贵州 (13 份)、河南 (4 份)、湖北 (3 份)、湖南 (2 份)、四川 (79 份)、云南 (9 份)、江苏 (2 份) 共 9 个南方省区; 国外资源 201 份, 56 份来自亚洲, 53 份来自非洲, 46 份来自欧洲, 25 份来自大洋洲, 11 份来自美洲, 10 份来源不祥。

1. 2 方法

1. 2. 1 试验设计 试验在青海省农林科学院试验基地进行, 海拔 2246m, 36°43. 318'N, 101°45. 077'E。试验地为粘壤土, 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。

1. 2. 2 性状调查 性状的观察与记载均采用《豌豆种质资源描述规范和数据标准》^[4]中的统一标准。进行播种 - 开花天数、生育日数、株高、主茎节数、初花节位、初荚节位、单株分枝数、单株荚数、单荚粒数、荚长、荚宽、单株粒重、百粒重、英型、粒形、粒色、子叶色、脐色、复叶叶型、花色共计 20 个农艺性状 (表 1) 的调查。

表 1 豌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 criteria for pea gemplasm resources

序号 Code	形态性状 Character	记载标准 Criterion for recording
1	播种 - 开花 天数 (d)	播种至小区内有 50% 的植株开始开花的天数
2	生育日数 (d)	从播种至成熟的天数
3	株高 (cm)	成熟期主茎子叶节到植株顶端的高度
4	主茎节数	成熟期主茎子叶节到植株顶端的节数
5	初花节位	见花期主茎上第 1 个花序所在的节位
6	初荚节位	成熟期主茎上最下部的荚所在的节位
7	单株分枝数	成熟期主茎上的一级有效分枝数
8	单株荚数	成熟期每株上的成熟荚数
9	单荚粒数	成熟期干熟荚果内所含的成熟子粒数
10	荚长 (cm)	成熟期测量干熟荚果荚尖至荚尾的直线长度
11	荚宽 (cm)	成熟期测量干熟荚果最宽处的直线宽度
12	单株粒重 (g)	成熟期单株上的干子粒重量
13	百粒重 (g)	100 粒成熟干子粒的重量
14	英型	1= 硬, 2= 软
15	粒形	1= 圆, 2= 扁圆 扁球, 3= 柱形
16	粒色	1= 白, 2= 浅绿, 3= 粉, 4= 绿, 5= 绿麻, 6= 麻, 7= 紫麻
17	子叶色	1= 淡黄 浅黄, 2= 黄, 3= 橙黄, 4= 浅绿, 5= 绿
18	脐色	1= 淡黄, 2= 黄, 3= 橙黄, 4= 灰白, 5= 浅绿, 6= 绿, 7= 褐, 8= 黑
19	复叶叶型	1= 普通, 2= 半无叶
20	花色	1= 白, 2= 粉红, 3= 紫红

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); 对数值性状如株高、单株粒重、百粒重等进行 10 级分类, 1 级 < X - 2δ 10 级 ≥ X + 2δ 中间每级间差 0. 5δ δ 为标准差。

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 3. 1 软件中完成; Shannon's 信息指数^[56] 统计计算, 在 Popgen 1. 32 软件包^[7]中完成; 参试资源间 Nei78 遗传距离^[8] 计算及群体间遗传距离 UPGMA 聚类图绘制, 在 Popgen 1. 32 软件包^[7]和 MEGA 4 软件包^[9]中完成; 用 NTSYS-pc 2. 20d 软件^[10]完成参试资源间欧氏距离计算、主成分分析 (PCA) 及三维作图^[11+12]。

2 结果与分析

2.1 农艺性状间的遗传多样性差异

对 624份豌豆种质资源的 20 个形态性状进行

统计分析结果表明(表 2), 国内外豌豆种质资源性状差异明显, 变异范围大, 遗传多样性丰富。

20个形态性状的平均变异系数为 34. 65% , 生育日数、播种 – 开花天数、荚长的变异系数小于

表 2 豌豆种质资源形态多样性统计分析

Table 2 Analysis of morphological diversity for pea gemplasm resources

形态性状 Character	平均值 Mean	最大值 Max	最小值 Min	标准差 s	变异系数(%) CV	多样性指数 Shannon's index
播种 – 开花天数 (d)	85. 91	106. 00	65. 00	8. 00	9. 31	1. 814
生育日数 (d)	128. 60	140. 00	123. 00	3. 75	2. 92	1. 047
株高 (cm)	144. 97	220. 80	20. 00	32. 80	22. 63	1. 870
主茎节数	21. 44	36. 00	8. 00	3. 33	15. 53	1. 564
初花节位	12. 10	25. 00	2. 00	3. 99	32. 98	1. 666
初荚节位	14. 01	26. 50	6. 00	2. 77	19. 77	1. 448
单株分枝数	2. 36	13. 00	0. 00	1. 28	54. 24	1. 715
单株荚数	30. 54	115. 20	3. 00	17. 04	55. 80	1. 779
单荚粒数	3. 90	14. 40	1. 40	1. 03	26. 41	1. 362
荚长 (cm)	6. 16	10. 50	3. 70	0. 90	14. 61	1. 934
荚宽 (cm)	1. 12	3. 10	0. 60	0. 26	23. 21	1. 322
单株粒重 (g)	19. 31	67. 30	0. 20	10. 64	55. 10	2. 028
百粒重 (g)	16. 74	39. 90	2. 50	7. 16	42. 77	1. 562
荚型	1. 06	2. 00	1. 00	0. 24	22. 64	0. 229
粒形	1. 37	3. 00	1. 00	0. 50	36. 50	0. 689
粒色	3. 04	7. 00	1. 00	1. 78	58. 55	1. 630
子叶色	1. 88	5. 00	1. 00	1. 20	63. 83	1. 203
脐色	4. 63	8. 00	1. 00	2. 87	61. 99	1. 532
复叶叶型	1. 05	2. 00	1. 00	0. 22	20. 95	0. 207
花色	1. 84	3. 00	1. 00	0. 98	53. 26	0. 782
平均 Mean					34. 65	1. 369

15%, 花色、单株分枝数、单株粒重、单株荚数、粒色、脐色、子叶色的变异系数大于 50%, 其他 10个性状的变异系数在 15% ~ 50% 之间。说明参试资源的生育日数、播种 – 开花天数、荚长等一致性较强, 变异范围不大; 相比之下, 子叶色、脐色、粒色、单株荚数、单株粒重、单株分枝数、花色等性状的变异范围更大。

20个形态性状的平均多样性指数为 1. 369, 单株粒重最高 (2. 028), 复叶叶型最低 (0. 207)。其中, 13 个数量性状中单株粒重的多样性指数最高 (2. 028), 生育日数最低 (1. 047), 两性状相差 0. 981; 7个质量性状中粒色的多样性指数最高 (1. 630), 复叶叶型最低 (0. 207), 两性状相差 1. 423。单株粒重、荚长、株高、播种 – 开花天数、单株荚数、单株分枝数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. 624 比质量性状

(0. 896)平均高 0. 728 说明 13个数量性状的遗传多样性更丰富。

2.2 国内各豌豆种质资源群体间形态多样性差异

从国内 19个省、市、区豌豆种质资源群体的平均变异系数分析(表 3), 北京、新疆、云南、青海、吉林群体的变异程度较高, 平均变异系数分别为 34. 31%、32. 38%、31. 88%、31. 45%、30. 00%, 而河南、广西、湖南、湖北群体的变异程度较低, 平均变异系数分别为 8. 06%、18. 85%、19. 32%、19. 36%。从上述豌豆种质资源群体的单个性状来看, 新疆的百粒重、单株粒重、单株分枝数, 北京的生育日数、株高、单株分枝数、荚长短、复叶叶型, 云南的生育日数、单株荚数、单荚粒数、荚宽、粒形、脐色, 青海的播种 – 开花天数、株高、主茎节数、初花和初荚节位、子叶色、脐色、复叶叶型, 吉林的株高、单株分枝数、复叶叶型的变异系数较高, 变异范围大, 类型也多; 河

南、宁夏、广西、湖南、湖北豌豆种质资源群体的初花和初荚节位、单株荚数、单荚粒数、单株粒重、百粒重、荚长、荚宽、子叶色、脐色等性状的变异系数低, 变异范围狭窄。其他豌豆种质资源群体的变异系数介于以上两者之间, 变异范围也较大。

从国内北方群体 (包括 10个省区) 和南方群体 (包括 9个省区) 的平均变异系数分析 (表 3), 北方

豌豆种质资源群体的平均变异系数比南方群体高, 分别为 27.93% 和 22.99%, 相差 4.94个百分点, 说明北方豌豆种质资源群体的变异范围比南方群体更广阔。从单个性状的变异系数分析可知, 北方豌豆种质资源群体的株高、初花和初荚节位、单株分枝数、单株粒重、百粒重的变异范围大, 而南方群体的英型和粒色变异比北方群体更广泛。

表 3 豌豆种质资源群间形态性状遗传多样性统计分析

Table 3 Analysis of morphological diversity for pea gemplasm resources groups

群体	平均值	最大值	最小值	标准差	变异系数 (%)	多样性指数
G r o u p	M e a n	M a x	M i n	s	C V	Shannon' s index
新疆	25.61	35.34	18.01	3.98	32.38	1.133
甘肃	24.69	29.88	19.65	3.00	24.23	1.029
河北	26.25	32.90	18.60	3.40	27.46	1.144
吉林	22.35	30.52	16.08	4.58	30.00	1.061
辽宁	23.07	28.64	17.43	3.26	27.48	0.998
内蒙古	23.67	26.98	19.88	2.87	26.29	0.835
宁夏	26.13	32.09	22.26	2.96	23.25	0.786
北京	15.04	19.69	11.14	2.48	34.31	1.204
青海	25.17	34.88	14.97	4.57	31.45	1.178
陕西	24.69	28.28	21.44	2.57	22.42	0.869
北方平均	23.67	29.92	17.95	3.37	27.93	1.024
安徽	23.89	32.02	18.58	3.00	25.86	0.965
广西	24.15	28.53	19.53	3.09	18.85	0.808
贵州	25.07	30.57	20.78	2.93	26.07	1.010
河南	22.24	25.12	18.67	2.76	8.06	0.630
湖北	23.82	26.58	21.71	2.63	19.36	0.523
湖南	25.11	26.59	23.63	2.09	19.32	1.656
四川	24.37	33.40	16.73	3.87	29.67	1.167
云南	25.03	31.54	20.81	3.43	31.88	0.953
江苏	22.33	23.90	20.76	2.22	27.83	0.423
南方平均	24.00	28.70	20.13	2.89	22.99	0.904

国内豌豆种质资源群体 (423份) 的平均多样性指数为 0.967, 北方群体 (270份, 1.024) 比南方群体 (153份, 0.904) 高出 0.120, 说明北方豌豆种质资源群体的遗传多样性比南方群体丰富; 国内 19个省区中, 湖南豌豆种质资源群体的多样性指数最高 (2份, 1.656), 其次为北京群体 (42份, 1.204)、青海群体 (42份, 1.178)、四川群体 (79份, 1.167)、河北群体 (26份, 1.144)、新疆群体 (86份, 1.133), 说明这 6个群体的遗传多样性较丰富; 而宁夏群体 (16份, 0.786)、河南群体 (4份, 0.630)、湖北群体 (3份, 0.523)、江苏群体 (2份, 0.423) 的多样性指数最低; 其他 9个群体的遗传多样性介于以上两者

之间。

2.3 国外五大洲豌豆种质资源群体间形态多样性差异

对国外五大洲和来源不详的豌豆种质资源群体的变异系数进行分析 (表 4), 6个豌豆种质资源群体的平均变异系数在 27.99% ~ 33.90% 之间, 大小依次为欧洲群体 (33.90%)、来源不详群体 (32.26%)、亚洲群体 (31.15%)、非洲群体 (30.47%)、美洲群体 (30.19%)、大洋洲群体 (27.99%), 其中欧洲群体与北京群体 (34.31%)、来源不详群体与新疆群体 (32.38%)、亚洲群体与青海群体 (31.45%) 和云南群体 (31.88%)、非洲群

体和美洲群体与吉林群体 (30.00%) 和四川群体 (29.67%)、大洋洲群体与河北群体 (27.46%)、辽宁群体 (27.48%) 和江苏群体 (27.83%) 分别相当。

根据 6 个豌豆种质资源群体单个性状的平均值和变异系数 (表 4), 非洲群体的单株分枝数 (4.20 ± 2.13 个)、单株荚数 (45.14 ± 17.62 个)、单荚粒数 (3.79 ± 1.04 粒)、单株粒重 (31.02 ± 13.94g) 等性状表现较好, 并且单株分枝数 (50.66%)、荚宽 (55.06%)、百粒重 (66.37%)、子叶色 (59.36%) 等性状的变异系数较高, 可选择性强; 美洲群体的播种 - 开花天数 (9.64%)、荚型 (27.64%)、粒色 (83.76%)、子叶色 (88.44%) 等多个性状均表现较强的变异性; 来源不详群体的单株分枝数 (4.04 ± 1.55 个)、百粒重 (19.70 ± 4.22g) 的均值都较高, 同时播种 - 开花天数 (11.59%)、初花节位 (29.40%)、单株荚数

(65.15%)、单荚粒数 (29.24%)、单株粒重 (51.81%) 等性状的变异系数大, 变异范围广泛, 但是播种 - 开花天数、生育日数过长, 植株较高; 其他豌豆种质资源群体的单个性状, 变幅也较大。

国外五大洲和 1 个来源不详的豌豆种质资源群体多样性指数比较中 (表 4), 欧洲豌豆种质资源群体最高 (46 份, 1.262), 其次是亚洲群体 (56 份, 1.258), 这 2 个群体表现丰富的遗传多样性, 与北京群体 (1.204) 相当; 非洲群体 (53 份) 排在第 3 位 (1.171), 遗传多样性与青海群体 (1.178)、四川群体 (1.167) 相当; 排在后 3 位的依次是来源不详群体 (10 份, 1.089)、大洋洲群体 (25 份, 1.020) 和美洲群体 (11 份, 1.020), 这 3 个群体的遗传多样性与吉林群体 (1.061)、甘肃群体 (1.029) 和贵州群体 (1.010) 相当。

表 4 国外豌豆种质资源形态多样性统计分析

Table 4 Analysis of morphological diversity for pea germplasm resources from outside China

形态性状 Character	平均值 Mean						变异系数 (%) CV						多样性指数 Shannon' s index					
	亚洲	非洲	欧洲	大洋洲	美洲	未知	亚洲	非洲	欧洲	大洋洲	美洲	未知	亚洲	非洲	欧洲	大洋洲	美洲	未知
	Asia	Africa	Europe	Oceania	America	Unkn.	Asia	Africa	Europe	Oceania	America	Unkn.	Asia	Africa	Europe	Oceania	America	Unkn.
播种 - 开花 天数 (d)	79.11	79.57	79.54	79.24	82.82	82.50	8.26	5.87	9.24	7.42	9.64	11.59	1.238	0.946	1.327	0.839	1.642	0.774
生育日数 (d)	130.45	128.45	130.89	130.96	131.91	134.00	4.48	3.98	4.62	4.22	4.96	3.01	1.035	0.871	1.178	0.998	0.916	2.233
株高 (cm)	153.32	163.72	150.72	131.76	156.34	163.08	22.92	21.03	24.88	27.72	24.42	22.84	1.846	1.558	1.881	1.667	1.846	1.471
主茎节数	23.74	23.73	24.16	23.93	23.97	24.98	14.63	13.35	16.13	10.29	10.17	12.89	1.573	1.377	1.546	1.173	1.169	1.289
初花节位	7.98	8.67	7.40	8.03	7.85	8.20	26.28	26.70	28.27	15.57	21.00	29.40	1.109	1.158	1.091	0.686	0.655	1.221
初荚节位	14.48	14.12	15.20	15.05	14.70	16.28	20.76	18.80	22.08	16.98	21.98	18.76	1.381	1.395	1.431	1.124	1.468	1.418
单株分枝数	3.63	4.20	3.37	3.15	3.17	4.04	40.84	50.66	62.32	39.27	25.22	38.39	1.746	1.802	1.681	1.355	0.935	1.557
单株荚数	44.52	45.14	45.47	42.30	34.16	40.12	47.35	39.04	48.33	39.65	29.10	65.15	2.003	1.818	1.937	1.679	1.169	1.643
单荚粒数	3.51	3.79	4.00	3.53	3.47	3.30	28.93	27.45	50.16	21.68	17.89	29.24	1.450	1.452	1.418	1.150	0.908	1.030
荚长 (cm)	5.79	5.98	6.30	6.47	6.73	6.04	17.26	13.60	15.27	8.19	15.44	15.98	1.983	1.853	1.959	1.268	1.720	1.696
荚宽 (cm)	1.05	1.17	1.14	1.10	1.17	1.06	19.93	55.06	17.72	13.46	19.48	12.73	1.441	1.199	1.344	1.076	1.169	1.030
单株粒重 (g)	23.18	31.02	25.01	29.66	28.95	26.13	50.11	44.94	39.00	34.87	39.69	51.81	2.038	1.980	1.904	1.852	1.673	1.748
百粒重 (g)	15.95	17.91	17.92	19.27	18.23	19.70	48.57	66.37	36.97	21.51	35.17	21.43	1.548	1.383	1.587	1.187	1.121	1.280
荚型	1.02	1.00	1.09	1.00	1.09	1.00	13.13	0.00	26.21	0.00	27.64	0.00	0.090	0.209	0.295	0.129	0.305	0.066
粒形	1.59	1.66	1.50	1.64	1.91	1.60	31.24	28.80	33.70	29.87	15.79	32.27	0.677	0.641	0.693	0.653	0.305	0.673
粒色	3.66	3.77	3.15	2.32	2.73	3.60	62.35	58.72	72.33	74.37	83.76	63.07	1.225	1.274	1.313	1.085	1.121	0.367
子叶色	1.39	1.21	1.24	1.16	1.36	1.40	75.83	59.36	68.45	68.97	88.44	90.35	0.611	0.451	0.417	0.168	0.305	0.325
脐色	5.48	6.15	5.35	4.84	5.27	6.40	50.17	41.00	50.82	42.04	55.68	44.92	1.313	1.291	1.270	0.973	1.241	0.950
复叶叶型	1.00	1.00	1.00	1.64	1.00	1.10	0.00	0.00	0.00	29.87	0.00	28.75	0.216	0.209	0.192	0.653	0.071	0.325
花色	2.36	2.51	1.93	1.88	1.73	2.00	39.98	34.62	51.57	53.90	58.42	52.70	0.628	0.557	0.781	0.686	0.655	0.693
平均 Mean	26.16	27.24	26.32	25.45	26.43	27.33	31.15	30.47	33.90	27.99	30.19	32.26	1.258	1.171	1.262	1.020	1.020	1.089

2.4 参试资源主成分聚类

采用参试资源间欧氏距离, 利用 NTsys-pc 2.20 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 16.23%, 第 2 主成分的贡献率为 8.90%, 第 3 主成分的贡献率为 8.07%, 合计为 34.20%。将国内外豌豆资源作为一个混合群体, 以

每份参试资源的三维主成分数据绘制三维聚类图 (3D-PCA)。该三维 PCA 聚类图显示, 国内、国外蚕豆资源分化成了 2 个富集区, 之间存在少量相互渗透, 应属于 2 个明显不同的基因库 (图 1)。基因库 I 由中国春播区资源和中国秋播区资源富集而成, 基因库 II 由国外资源富集而成。

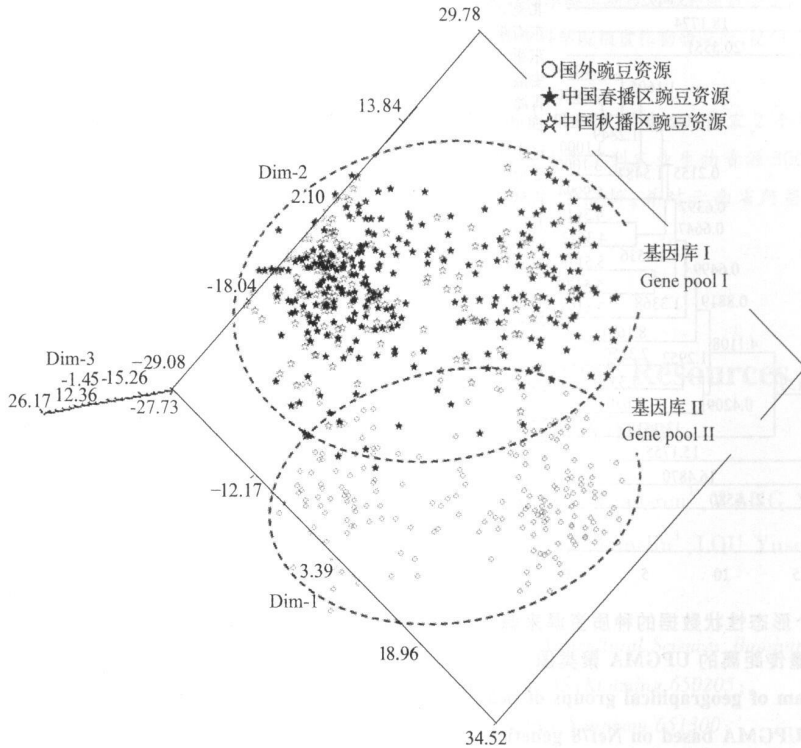


图 1 基于国内外 624 份豌豆资源间 20 个形态性状欧氏平方距离绘制的三维 PCA 图

Fig 1 3D-PCA graph of 624 global pea collections using Euclid square distance based on 20 morphological characters

2.5 豌豆种质资源聚类分析

利用 Popgen 1.32 软件获得 32 个国内外不同地理来源群体间 Nei8 遗传距离, 使用 MEGA 4 软件联合处理, 进行 UPGMA 聚类分析和作图, 结果显示, 国内外来源资源群体间, 亲缘关系呈现规律性差异 (图 2)。国内和国外资源归属为 2 大组群, 国内春播和秋播区资源构成组群 I, 国外资源构成组群 II, 表现出了明显的地理来源相关性。国内外豌豆资源群间差异明显, 国内春播和秋播区资源群间差异不明显, 国外资源群间差异不明显。

3 讨论

对性状表现平均值、变异系数、遗传多样性指数研究结果表明, 国内外不同地理来源豌豆资源群体间的遗传变异大; 三维主成分分析探测到参试资源由国内和国外两大基因库构成; 资源群体间遗传距离的 UPGMA 聚类分析结果也表明, 国内和国外豌豆资源

聚成两大不同类群, 印证了三维主成分分析得到的豌豆资源由国内和国外两大基因库构成的结论。

通过三维主成分聚类图分析发现和确定的 2 个基因库, 基因库 I 由国内春播区 (北方) 资源和国内秋播区 (南方) 资源富集而成, 基因库 II 由国外资源富集而成。从形态性状综合评价角度分析, 国内资源明显不同于国外资源。该研究结论很好地呼应了 Zong 等^[13-15]利用 SSR 分子标记的研究结果, 即国内外不同来源豌豆资源间的遗传多样性存在明显差异; 本研究基因库 I 中存在左、右 2 个界限明显的资源聚集区的事实 (图 1), 印证了宗绪晓等^[15-16]利用 SSR 分子标记研究得到的有关国内豌豆资源又分成 2 个族群的结论。利用足够农艺性状数据, 足够份数和类型覆盖度的种质资源遗传多样性分析, 与分子标记技术相比结果同样很可靠, 而且能够更直接地与育种改良和生产相衔接, 费用更低、时间更短, 同样值得尝试和推广使用。

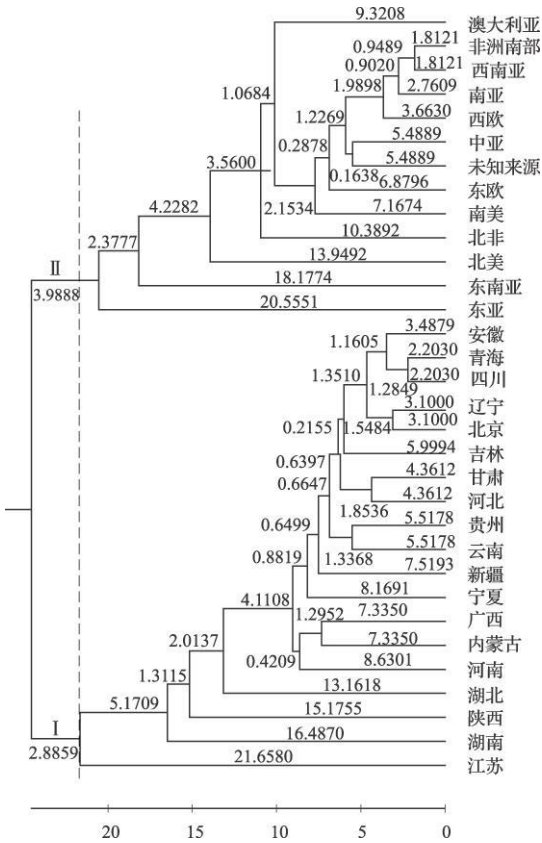


图 2 基于 20 个形态性状数据的种质资源来源
群间 Nei78 遗传距离的 UPGMA 聚类图

Fig 2 Dendrogram of geographical groups of pea
landraces using UPGMA based on Nei78 genetic
distance converted from 20 morphological characters

不仅中国豌豆资源表现特殊, Zong 等^[17-18]利用 AFLP 标记研究发现国内春秋播区 and 国外蚕豆种质资源属于不同基因库, 而且中国蚕豆资源的遗传多样性明显高于国外资源。在国外对于小麦^[19]、豌豆^[20]以及国内对于小扁豆^[21-22]等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。Zeid 等^[23]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。中国传统的豌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豌豆起源地和主产区, 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豌豆品种基因库的形成可能起着重要作用。

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] 胡晓, 郭高球. 蚕豆豌豆高产栽培 [M]. 北京: 金盾出版社, 1994

[4] 宗绪晓, 王志刚, 关建平. 豌豆种质资源描述规范和数据标准 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2005

[5] Pielou E C. An Introduction to Mathematical Ecology [M]. New York Wiley-Interscience, 1969

[6] Levontin R C. The apportionment of human diversity [J]. *Evol Biol* 1972, 6: 381-398

[7] 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

[8] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals [J]. *Genetics* 1978, 89: 583-590

[9] Tamura K, Dudley J, Nei M, et al. MEGA4 molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0 [J]. *Mol Biol Evol* 2007, 24: 1596-1599

[10] Rohlf F. NTSYS-pc ver. 2.2 Numerical Taxonomy System [M]. New York Exeter Publishing Ltd., 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, Robert J R, Liu Q C, et al. Analysis of a diverse global *Pisum* sp. collection and comparison to a Chinese local *P. sativum* collection with microsatellite markers [J]. *Theor Appl Genet* 2009, 118: 193-204

[14] 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

[15] 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

[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] Zong X X, Liu X, Guan J P, et al. Molecular variation among Chinese and global winter faba bean germplasm [J]. *Theor Appl Genet* 2009, 118: 971-978

[18] 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)

[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

[21] 刘金, 关建平, 徐东旭, 等. 小扁豆种质资源形态标记遗传多样性分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2008, 9 (2): 173-1179

[22] 刘金, 关建平, 徐东旭, 等. 小扁豆种质资源 SSR 标记遗传多样性及群体结构分析 [J]. *作物学报*, 2008, 34 (11): 1901-1909

[23] 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