

苦瓜种质遗传多样性的 SRAP 标记分析

赵秀娟^{1,2}, 宋建文², 胡开林²

(¹广东科贸职业学院, 广州 510430; ²华南农业大学园艺学院, 广州 510640)

摘要:从 144 对 SRAP 引物中筛选出 61 对多态性强、重复性好的 SRAP 引物, 对 43 份苦瓜种质 DNA 进行了扩增, 共得到 2078 条谱带, 其中多态性谱带 863 条, 平均每对引物扩增得到 14.15 条多态性谱带, 多态性位点百分率为 42.11%。用 UPMGA 方法进行聚类分析, 供试苦瓜种质的遗传相似系数为 0.50~0.95, 在阈值 0.65 处(L1) 可将苦瓜分为 2 个类群, 第 I 类群为野生种, 第 II 类群为半栽培种和栽培种; 在阈值 0.80 处(L2) 将第 II 类群分为 5 个亚类群, L2 的划分反映了苦瓜种质间的遗传多样性与果实性状、来源或地理分布有较高相关性; 在阈值 0.83 处, 第 II 1 亚类群又分为 4 类, 大致分为滑身苦瓜(粗棱无瘤)、大顶苦瓜(棱细大圆瘤、倒锥形)、棱细圆瘤苦瓜以及尖刺瘤或凸瘤苦瓜, 分类结果与苦瓜的刺瘤有无、棱条粗细、瘤的形状和瓜色等密切相关, 初步认为刺瘤苦瓜为较原始类型。

关键词: 苦瓜; 种质资源; 遗传多样性; SRAP

Genetic Diversity Analysis of Bitter Gourd Germplasm Resources Based on SRAP Markers

ZHAOXiu-juan^{1,2}, SONG Jian-wen², HU Kai-lin²

(¹Guangdong Science and Tradition College of Vocation, Guangzhou 510430;

²College of Horticulture, South China Agricultural University, Guangzhou 510640)

Abstract: 61 pairs of SRAP primers with rich polymorphism and good repeatability were chosen from 144 tested pairs and used to amplify genomic DNA of 43 accessions of bitter gourds. A total of 2078 amplicons were obtained of which 863 (42.11%) were polymorphic, with an average of 14.15 polymorphisms observed per primer pair. Cluster analysis was conducted using UPMGA method. It was concluded that the genetic similarity among 43 bitter gourd germplasms ranged from 0.50 to 0.95. All accessions were clustered broadly into two groups at the similarity coefficient of 0.65. The first group included wild accessions and the second group consisted of semi-cultivated and cultivated accessions. The second group was further divided into five subgroups at the similarity coefficient of 0.80 (L2). The L2 division reflected a high correlation between genetic diversity and fruit characters, sources, and geographic distribution. The first subgroups was further divided into four groups at the similarity coefficient of 0.83, broadly divided into oblong bitter gourd, triangular bitter gourd, fine-ridge and rounded wart bitter gourd, and acute or obtuse wart bitter gourd. Classification results turned out to be closely related to the traits of presence or absence of acute wart, width of ridge, wart shape, and fruit color. It was speculated that acute wart bitter gourd is a primitive type.

Key words: Bitter gourd (*Momordica charantia* L.); Germplasm resources; Genetic diversity; SRAP

苦瓜 (*Momordica charantia* L.) 属于葫芦科苦瓜属一年生攀缘草本植物, 原产于亚洲热带地区, 广泛分布于热带、亚热带及温带地区, 近年来栽培面积逐

年扩大, 已成为一种很有发展前途的瓜类蔬菜。我国苦瓜种质资源较为丰富, 因各地消费习惯不同, 栽培品种间性状差异也较大。苦瓜根据果实形状

收稿日期: 2011-03-12 修回日期: 2011-05-01 网络出版日期:

URL:

基金项目: 广东现代农业产业技术体系建设专项资金

作者简介: 赵秀娟, 副教授, 在职博士, 从事园艺生物技术相关研究。E-mail: Zhangy68@yeah.net

可分为长棒形、纺锤形、倒锥形和近圆形等;根据果实颜色可分为墨绿色、绿色、灰白色和纯白色等;根据果实表面棱瘤突起程度、大小等可分为刺瘤、凸瘤、圆瘤、细棱和粗棱等。对苦瓜种质进行深入系统的研究,拓宽选育种遗传基础,使育种水平再上新台阶,是当前苦瓜遗传育种研究的重要任务之一。

前人已对苦瓜种质资源进行农艺性状分类^[1]以及利用 RAPD^[2-7]、ISSR^[5-9]、AFLP^[10-11] 标记和数量性状遗传距离^[12] 进行聚类分析,普遍认为利用 RAPD、AFLP 或 ISSR 标记时,引物多态性偏低。SRAP(Sequence-Related Amplified polymorphism) 标

表 1 供试材料来源及主要特点

Table 1 The cultivars sources and its main characteristics in the study

编号 NO.	材料 Material	收集地 Origin	主要特点 Main characteristics	编号 No.	材料 Material	收集地 Origin	主要特点 Main characteristics
1	海南苦瓜	海南	粗棱无瘤,短棒形,浅绿色	23	金船八号	汕头	粗棱无瘤,长棒形,浅绿色
2	奇俊 925	泰国	粗棱无瘤,短棒形,浅绿色	24	黑籽油瓜	汕头	粗棱无瘤,长棒形,浅绿色
3	9814	广州	粗棱无瘤,短棒形,墨绿色	25	44	四川	棱细多凸瘤,长棒形,白色
4	崖城苦瓜	海南	棱细圆瘤,长棒形,浅绿色	26	云南狼牙棒状苦瓜	云南	尖刺瘤,纺锤形,白色
5	DY 姚香 1120	广州	棱细圆瘤,倒锥形,绿色	27	978063	广州	粗棱无瘤,长棒形,绿色
6	槟城一号苦瓜	马来西亚	粗棱无瘤,长棒形,绿色	28	天天好 13 号	南宁	粗棱无瘤,长棒形,绿色
7	抗病苦瓜	泰国	粗棱无瘤,短棒形,深绿色	29	UX203	佛山	粗棱无瘤,长棒形,浅绿色
8	屯昌苦瓜	海南	粗棱无瘤,短棒形,浅绿色	30	978061	广州	粗棱无瘤,长棒形,浅绿色
9	ZY	广州	粗棱无瘤,长棒形,浅绿色	31	大沥苦瓜-1	佛山	粗棱无瘤,短棒形,绿色
10	新优 ZY	广州	粗棱无瘤,长棒形,浅绿色	32	马来西亚-2	马来西亚	粗棱无瘤,短棒形,绿色
11	ZYUX	广州	粗棱无瘤,长棒形,浅绿色	33	惠州大顶	惠州	棱细大圆瘤,倒锥形,绿色
12	南海苦瓜	佛山	粗棱无瘤,短棒形,绿色	34	江门大顶	江门	棱细大圆瘤,倒锥形,绿色
13	奇俊 426 白瓜	泰国	棱细圆瘤,长棒形,白色	35	红籽大顶	广州	棱细大圆瘤,倒锥形,绿色
14	马来西亚-6	马来西亚	尖刺瘤,短纺锤形,深绿色	36	MS 黑姚香	广州	棱细大圆瘤,倒锥形,绿色
15	翠绿油绿苦瓜	南宁	粗棱无瘤,长棒形,绿色	37	DY951	广州	棱细大圆瘤,倒锥形,绿色
16	马来西亚-3	马来西亚	粗棱无瘤,长棒形,绿色	38	68121	惠州	棱细大圆瘤,倒锥形,绿色
17	农博士	汕头	粗棱无瘤,长棒形,绿色	39	62111	江门	棱细大圆瘤,倒锥形,绿色
18	978067	广州	粗棱无瘤,长棒形,绿色	40	广西野生苦瓜	广西	尖刺瘤,短纺锤形,绿白
19	翠宝珍珠大顶	广州	大圆瘤,倒锥形,绿色	41	0417	斯里兰卡	尖刺瘤,短纺锤形,深绿色
20	奇俊 42612	泰国	棱细圆瘤,长棒形,浅绿色	42	472113	广州	棱细大圆瘤,倒锥形,绿色
21	长漉苦瓜	广州	棱细圆瘤,长棒形,绿色	43	奇俊 426212	泰国	棱细圆瘤,长棒形,浅绿色
22	980822	广州	棱细大圆瘤,倒锥形,绿色				

1.2 苦瓜基因组 DNA 提取

取各材料植株生长顶端的幼嫩叶片,采用改良 CTAB 法提取基因组 DNA^[23]。以 λ DNA 浓度为参照,用 1.0% 的琼脂糖电泳检测 DNA 浓度与纯度,最终用 ddH₂O 稀释至 50 ng/ μ l 作为模板 DNA,存放于 -20 °C 冰箱备用。

1.3 苦瓜基因组 DNA 的 SRAP-PCR 扩增及电泳

在郭大龙等^[24]建立的 SRAP 反应体系基础之

记是由 Li 等^[13]于 2001 年研究开发的新型分子标记,具有多态性强、重复性好、操作简单等优点,现已广泛应用于甜瓜^[14]、菠萝^[15]、西瓜^[16]、大花蕙兰^[17]、小麦^[18]、梅^[19]、辣椒^[20]和西葫芦^[21]等多种植物的遗传多样性研究。本研究应用 SRAP 标记对苦瓜种质进行遗传多样性分析,旨在开展苦瓜品种改良或杂种优势利用提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料为 43 个苦瓜品种或自交系(表 1)。主要特征描述参考胡开林等^[22]。

上进一步优化,对 43 份苦瓜基因组 DNA 进行扩增。本试验所用的 SRAP 引物由上海生工合成。优化 PCR 反应总体积为 20 μ l,其中含 0.2 mmol/L dNTPs 0.4 μ l、0.3 μ mol/L 引物 2.4 μ l、50 ng 模板 DNA 1 μ l、1.5 U *Taq* 聚合酶 0.3 μ l、2.0 μ l 10 \times buffer 2.0 μ l、1.5 mmol/L MgCl₂ 1.2 μ l 和 ddH₂O 12.7 μ l。反应程序为:94 °C 预变性 5 min;94 °C 变性 1 min, 35 °C 复性 1 min,72 °C 延伸 1 min,5 个循环;94 °C 变

性1 min, 50 °C 复性 1 min, 72 °C 延伸 1 min, 35 个循环; 最后 72 °C 延伸 10 min。用 6% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳分离 PCR 产物, 电泳缓冲液为 0.5 × TBE, 电泳电压 300 V, 时间 2 h, 银染检测。

1.4 数据统计及聚类分析

将电泳图谱上 100 ~ 2000 bp 范围内清晰且可重复出现的条带记为 1, 同一位置没有条带记为 0, 由此生成 0 和 1 原始矩阵。统计每对引物扩增出的总条带数和多态性条带数。用 NTSYS-pc (2.10) 软件中 SimQual 程序计算相似系数矩阵, 以 Clustering 程序中 SHAN 进行 UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetic means, 非加权组平均法) 聚

类; 用 Tree plot 模块生成聚类图, 构建分子进化树。

2 结果与分析

2.1 多态性引物的筛选

以抗枯萎病的长棒形苦瓜自交系奇俊 426212、感枯萎病的倒锥形大顶苦瓜自交系 472113 和源自斯里兰卡的短纺锤形苦瓜 0417 为材料, 对 144 对 SRAP 引物组合进行多态性筛选, 所用的上下游引物序列见表 2。从 144 对引物中筛选出能够扩增条带清晰、多态性好的 61 对引物组合 (表 3), 多态性引物比率为 42.36%。扩增片段的大小在 250 ~ 2000 bp 之间, 部分引物组合的扩增结果见图 1。

表 2 SRAP 上下游引物序列

Table 2 Sequences of forward and reverse SRAP primers used in this study

引物 Primer	上游引物序列 (5' - 3') Forward primer sequence (5' - 3')	引物 Primer	下游引物序列 (5' - 3') Reverse primer sequence (5' - 3')
me1	TGAGTCCAAACCGGATA	em1	GACTGCGTACGAATTAAT
me2	TGAGTCCAAACCGGAGC	em2	GACTGCGTACGAATTGTC
me3	TGAGTCCAAACCGGAAT	em3	GACTGCGTACGAATTGAC
me4	TGAGTCCAAACCGGACC	em4	GACTGCGTACGAATTGTA
me5	TGAGTCCAAACCGGAAG	em5	GACTGCGTACGAATTAAC
me6	TGAGTCCAAACCGGGAT	em6	GACTGCGTACGAATTGCA
me7	TGAGTCCAAACCGGTGC	em7	GACTGCGTACGAATTTAG
me8	GTACATAGAACCGGAGT	em8	GACTGCGTACGAATTATT
me9	AGCGAGCAAGCCGGTGG	em9	GACTGCGTACGAATTATG
me10	TGGGGACAACCCGGCTT	em10	GACTGCGTACGAATTCTG
me11	TTCAGGGTGGCCGGATG	em11	AGGCGGTTGTCAATTGAC
me12	GACCAGTAAACCGGATG	em12	TGTGGTCCGCAAATTTAG

表 3 SRAP 引物组合在 43 份苦瓜种质中扩增出的多态性

Table 3 Polymorphism in 43 samples of bitter melon accessions revealed by SRAP primer combinations

引物组合 Primer combination amplified	扩增带数 No. of fragments	多态性带数 No. of polymorphic bands	多态性 比率 (%) Polymorphic rate	多态性 信息含量 <i>PIC</i>	引物组合 Primer combination amplified	扩增带数 No. of fragments	多态性带数 No. of polymorphic bands	多态性 比率 (%) Polymorphic rate	多态性 信息含量 <i>PIC</i>
me1/em1	46	15	32.61	0.950	me7/em10	37	14	37.84	0.940
me1/em6	40	13	32.50	0.933	me8/em3	32	18	56.25	0.955
me1/em9	38	11	28.95	0.931	me8/em5	40	30	75.00	0.973
me1/em10	39	10	25.64	0.926	me8/em7	30	17	56.67	0.948
me1/em12	34	10	29.41	0.926	me8/em8	31	14	45.16	0.940
me2/em2	44	15	34.09	0.944	me9/em1	44	18	40.91	0.953
me2/em8	36	11	30.56	0.926	me9/em2	32	12	37.50	0.944
me2/em12	29	11	37.93	0.919	me9/em5	25	12	48.00	0.928
me3/em1	32	9	28.13%	0.913	me9/em6	34	16	47.06	0.951
me3/em2	33	10	30.30	0.914	me9/em9	39	17	43.59	0.951
me3/em9	36	10	27.78	0.923	me9/em10	35	18	51.43	0.955
me3/em10	30	10	33.33	0.916	me9/em11	32	13	40.63	0.937

表 3(续)

引物组合 Primer combination amplified	扩增带数 No. of fragments	多态性带数 No. of polymorphic bands	多态性 比率(%) Polymorphic rate	多态性 信息含量 <i>PIC</i>	引物组合 Primer combination amplified	扩增带数 No. of fragments	多态性带数 No. of polymorphic bands	多态性 比率(%) Polymorphic rate	多态性 信息含量 <i>PIC</i>
me4/em1	40	8	20.00	0.902	me9/em12	40	22	55.00	0.961
me4/em6	32	14	43.75	0.951	me10/em4	32	21	65.63	0.959
me4/em8	28	13	46.43	0.948	me10/em7	30	15	50.00	0.945
me4/em10	45	22	48.89	0.964	me10/em8	32	10	31.25	0.921
me5/em1	46	16	34.78	0.957	me10/em10	29	11	37.93	0.933
me5/em2	40	11	27.50	0.927	me11/em1	24	14	58.33	0.944
me5/em5	44	14	31.82	0.949	me11/em2	30	15	50.00	0.942
me5/em9	36	15	41.67	0.939	me11/em3	25	8	32.00	0.900
me5/em10	35	12	34.29	0.936	me11/em4	23	12	52.17	0.924
me5/em11	42	15	35.71	0.945	me11/em5	34	16	47.06	0.948
me6/em2	38	15	39.47	0.948	me11/em8	33	15	45.45	0.945
me6/em3	39	20	51.28	0.961	me11/em10	24	12	50.00	0.927
me6/em4	41	20	48.78	0.950	me12/em2	23	10	43.48	0.933
me6/em5	46	17	36.96	0.947	me12/em4	27	10	37.04	0.912
me6/em8	38	12	31.58	0.924	me12/em5	25	11	44.00	0.936
me6/em10	36	13	36.11	0.936	me12/em7	27	11	40.74	0.926
me7/em3	31	18	58.06	0.964	me12/em8	22	10	45.45	0.926
me7/em4	32	18	56.25	0.962	总计	2078	863		
me7/em7	33	17	51.52	0.953	平均	34.06	14.15	42.11	0.939
me7/em8	28	16	57.14	0.953					

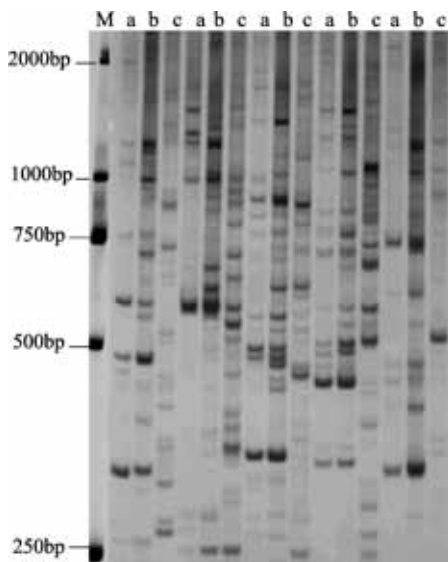


图 1 部分引物扩增结果

Fig. 1 SRAP pattern amplified by part of primer combinations

M: Marker; a; 0417; b; 472113; c; 奇俊 426212; 从左到右所用

SRAP 引物组合分别为: me11/em1 ~ me11/em5

M: Marker, a; inbred line 0417, b; inbred, line 472113, c; inbred line Qijun426212. The primer combinations

from left to right are, me11/em1-me11/em

2.2 苦瓜种质的多态性分析

用 61 对 SRAP 引物组合对 43 份苦瓜种质基因组 DNA 进行了扩增,共扩增出 2078 条谱带,多态性谱带有 863 条,占 41.53%;平均每对引物组合扩增出 34.06 条谱带和 14.15 条多态性谱带。各引物多态性位点百分率在 20.00% ~ 75.00% 之间,平均多态性位点百分率为 42.11%。不同引物组合 *PIC* (Polymorphism information content) 值为 0.900 ~ 0.973,平均为 0.939 (表 3)。其中引物组合 me4/em10 对 43 份苦瓜种质基因组 DNA 扩增结果如图 2,可见几乎所有苦瓜种质均扩增得到共有主带,而少数苦瓜种质同时能够扩增出与其他苦瓜种质相区别的特异性条带。

统计结果表明,43 份苦瓜种质的遗传相似系数为 0.50 ~ 0.95,平均为 0.725,绝大部分种质的遗传相似系数在 0.80 ~ 0.93 之间,其中以新奇俊 925 与 9814、新优 ZY 与 ZYUX 之间的遗传相似系数较高,分别达到 0.941 和 0.947。说明多数苦瓜种质间有较高的遗传相似性,只有少数苦瓜种质间存在着中等程度的遗传差异。

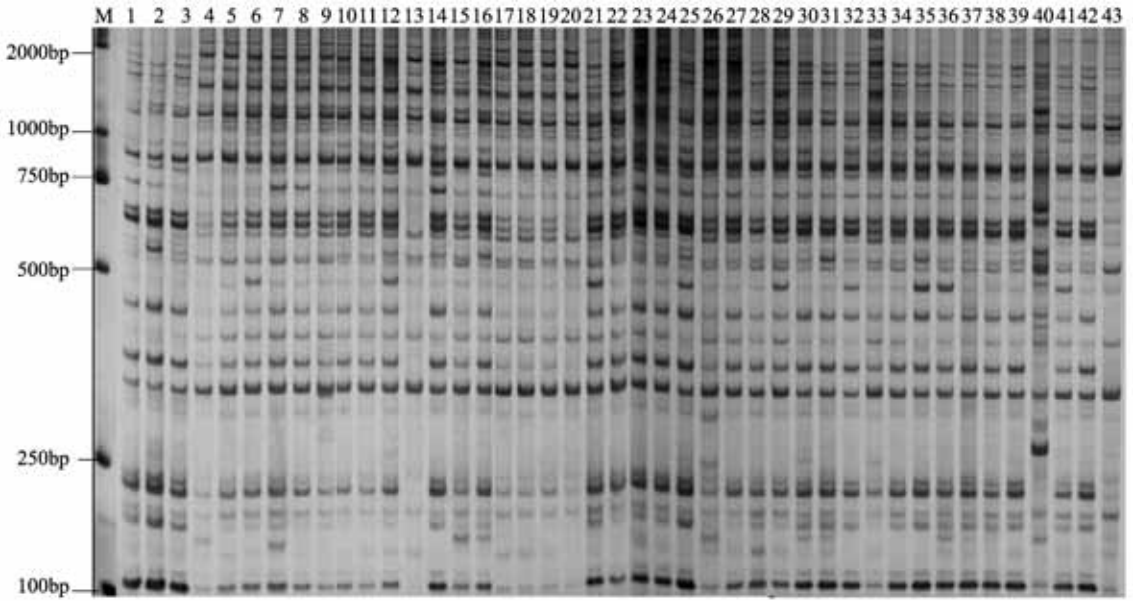


图2 引物 me4/em10 扩增的苦瓜 SRAP 产物图谱

Fig.2 SRAP pattern amplified by primer combination of me4 and em10 from germplasm of bitter gourd

M:Marker;从左到右 1~43 依次为 43 份苦瓜种质

M:Marker, 1~43 from left to right respectively are 43 bitter gourd germplasm

2.3 苦瓜种质的聚类分析

SRAP 的扩增结果用 UPGMA 法进行聚类分析, 得到苦瓜种质亲缘关系分子聚类图(图 3)。在遗传相似系数阈值 0.65 处作切割线 L1, 可将 43 份供试

材料划分为 2 个类群。第 I 类群只含 1 个野生种, 为广西野生苦瓜;第 II 类群包括来源于国内外的 42 个半栽培种或栽培种。L1 的划分较好地说明了苦瓜野生种质与半栽培种或栽培种的遗传亲缘关系。

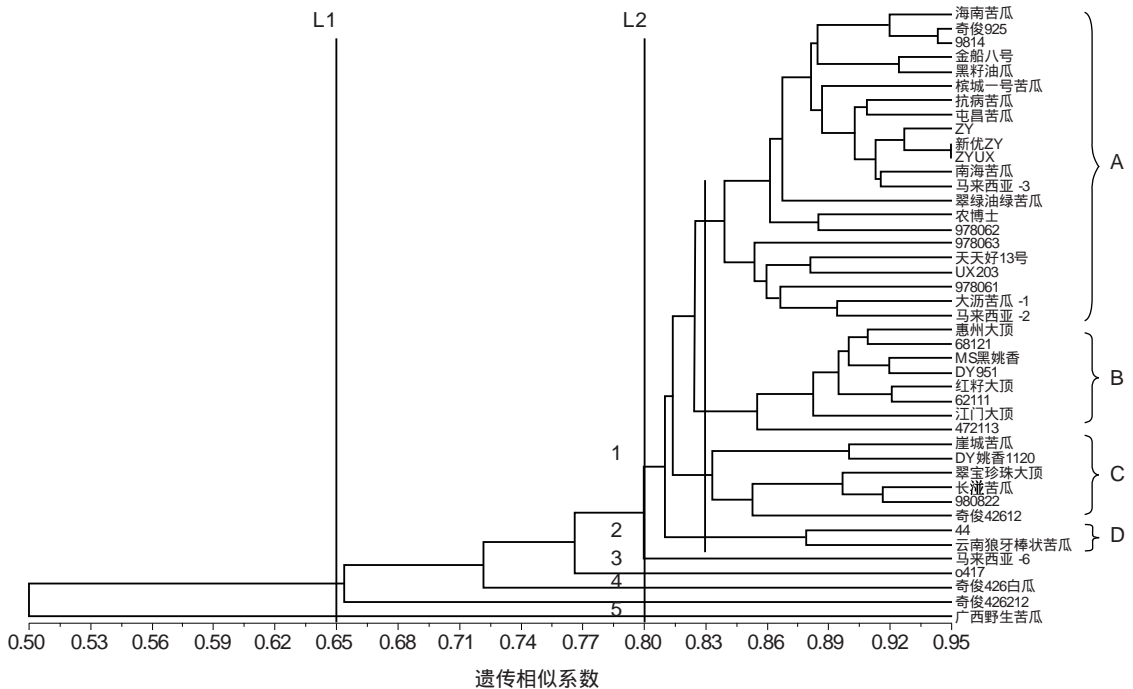


图3 43个苦瓜种质 UPGMA 聚类图

Fig.3 A dendrogram of 43 bitter gourd accessions generated by UPGMA method

在阈值 0.80 处(L2)又可将第 II 类群划分为 5 个亚类群。第 II1 亚类群包括 38 个苦瓜种质, 其中的 28 个苦瓜种质来源于广东; 另有海南苦瓜、崖城苦瓜、屯昌苦瓜、44、云南狼牙棒状苦瓜等 5 个苦瓜资源来自于国内的海南、四川和云南, 其余 5 个苦瓜种质如奇俊 925、奇俊 42612、槟城一号苦瓜、马来西亚-3 和马来西亚-2 等则来自泰国和马来西亚。第 II2 亚类只含 1 个马来西亚-6, 果实表现为尖刺瘤、短纺锤形和深绿色。第 II3 亚类是来自于斯里兰卡的 0417, 果实同样表现为尖刺瘤、短纺锤形和深绿色。第 II4 亚类是来源于泰国的奇俊 426 白瓜, 果实表现为棱细圆瘤、长棒形和白色。第 II5 亚类是来源于泰国的奇俊 426212, 果实性状为棱细圆瘤、长棒形和浅绿色。L2 的划分, 一方面反映了苦瓜种质间的遗传多样性与来源和地理分布具有较高相关性; 另一方面, 从马来西亚-6 和来自于斯里兰卡的 0417 来看, 两者属于果实小而坚实的半栽培种, 果实均表现为尖刺瘤、短纺锤形和深绿色, 而且与属于果实较大的栽培品种或自交系的第 II1 亚类群种质相比, 遗传距离相对较远。因此, 初步认为刺瘤苦瓜为较原始类型。至于第 II4 亚类来源于泰国的奇俊 426 白瓜和第 II5 亚类的奇俊 426212 与第 II1 亚类群种质遗传距离较大的原因, 推测可能由于奇俊 426 白瓜和奇俊 426212 是由长棒形的栽培苦瓜与较原始类型的半栽培种刺瘤苦瓜杂交所得的一代杂种或后代。

在遗传相似系数阈值 0.83 处, 第 II1 亚类群的 38 个苦瓜种质再可分为 4 类。A 类包括 22 个苦瓜种质, 果实均为粗棱无瘤、棒形和绿色的滑身苦瓜(俗称为油瓜)。B 类包括 8 个苦瓜种质, 果实均为细棱大圆瘤、倒锥形和绿色的大顶苦瓜。C 类包括 6 个苦瓜种质, 果实为细棱或无棱、圆瘤或大圆瘤、长棒形或倒锥形和绿色。D 类包括 2 个苦瓜种质, 果实为细棱或无棱、凸瘤或尖刺瘤、长棒形或纺锤形和白色, 2 个白色苦瓜聚为一类。可见, 对绝大多数栽培苦瓜品种或自交系的聚类结果, 说明苦瓜分类与果实形状以及果实表皮一棱的粗细、瘤的大小、瓜色等密切相关。

3 讨论

3.1 SRAP 标记及其多态性

应用 SRAP 标记可较好地反映苦瓜种质的遗传差异和亲缘关系。本研究中, 从 144 对引物组合中筛选出 61 对, 多态性引物比率为 42.36%。而高山

等^[5]对 38 份苦瓜种质进行 RAPD 和 ISSR 标记分析时, 从 100 条 RAPD 引物和 50 条 ISSR 引物中筛选出多态性引物各 10 条, 分别占筛选引物的 10% 和 20%。康建坂等^[8]从 96 条 ISSR 引物中, 筛选出 14 条多态性引物, 占筛选引物的 14.58%。杨衍等^[10]在 64 对 AFLP 引物中筛选出 8 对多态性引物, 占筛选引物的 12.50%。

另一方面, Dey 等^[6]和 Singh 等^[9]采用 29 条 RAPD 引物和 15 条 ISSR 引物进行扩增, RAPD 引物扩增出 208 条带, 其中多态性谱带 76 条, 占 36.54%, 平均每条引物扩增 2.6 条多态性谱带; ISSR 引物扩增出 125 条谱带, 其中多态性谱带 94 条, 占 75.20%, 平均每条引物扩增 6.3 条多态性谱带。张长远等^[3]利用 15 条多态性 RAPD 引物共扩增出 116 条谱带, 其中多态性谱带 25 条, 占 21.55%, 平均每条引物扩增出 7.7 条谱带。康建坂等^[8]利用 14 条 ISSR 引物对 48 份苦瓜资源的 DNA 遗传多态性进行检测, 共扩增出 181 条谱带, 其中多态性谱带为 113 条, 多态性比率为 62.43%, 平均每条引物产生 12.9 条多态性谱带。本研究中, 用 61 对 SRAP 引物组合对 43 份苦瓜种质基因组 DNA 进行了扩增, 共扩增出 2078 条谱带, 多态性谱带有 863 条, 占 41.53%; 平均每对引物组合扩增出 34.1 条谱带和 14.2 条多态性谱带。可见, 利用 SRAP 分子标记技术, 平均每对引物组合扩增出的多态性谱带明显高于 RAPD、ISSR 或 AFLP 分子标记, 而且 SRAP 实验操作简单、重复性好, 比较有利于苦瓜遗传多样性和亲缘关系的研究。

3.2 SRAP 标记聚类结果与比较

本研究对 43 份苦瓜种质进行聚类的结果表明, 种质间的遗传相似系数为 0.50~0.95。这与杨衍等^[10]、Gaikwad 等^[11]利用 AFLP 标记获得的遗传相似系数分别为 0.64~0.89 和 0.44~0.88 相类似, 而与高山等^[5]利用 RAPD 和 ISSR 标记获得的遗传相似性系数分别为 0.287~1 和 0.221~1 相比较偏低, 有可能是研究所用材料不同所致。

在遗传相似系数 0.65 处, 将广西野生苦瓜与半栽培种或栽培种明显地区分开来。这与刘政国等^[12]的结果相类似。在遗传相似系数 0.80 处, 分别将 2 个半栽培种区分开来; 在遗传相似系数 0.83 处, 揭示了绝大多数栽培苦瓜品种的亲缘关系与来源以及果实性状等有较高相关性, 这与前人对苦瓜种质的分子聚类结果具有一致性^[3-5, 11]。

经过多年苦瓜选育种实践发现, 将刺瘤苦瓜类

型与粗棱无瘤苦瓜类型杂交,其 F_1 表现为细棱圆瘤或凸瘤类型而使刺瘤消失,对其 F_2 继续进行选择,则可以选育出刺瘤至粗棱无瘤之间的多种类型。这一方面,说明奇俊 426 和奇俊 426212 有可能符合由栽培苦瓜与刺瘤苦瓜杂交所得的一代杂种或后代的推测;另一方面,也为苦瓜选育种更好利用半栽培种或野生种提供了参考。

参考文献

- [1] 张长远,罗少波,胡开林,等.长身苦瓜品种资源聚类分析[J].广东农业科学,2003(4):20-26
- [2] 温庆放,李大忠,朱海生,等.不同来源苦瓜遗传亲缘关系 RAPD 分析[J].福建农业学报,2005,20(3):185-188
- [3] 张长远,孙妮,胡开林.苦瓜品种亲缘关系的 RAPD 分析[J].分子植物育种,2005,3(4):515-519
- [4] Dey S S, Singh A K, Chandel D, et al. Genetic diversity of bitter gourd (*Momordica charantia* L.) genotypes revealed by RAPD markers and agronomic traits[J]. Sci Hort, 2006, 109: 21-28
- [5] 高山,林碧英,许端祥,等.苦瓜种质遗传多样性的 RAPD 和 ISSR 分析[J].植物遗传资源学报,2010,11(1):78-83
- [6] Dey S S, Singh A K, Chandel D, et al. Studies on genetic divergence in bitter gourd (*Momordica charantia* L.) [J]. Indian J Hort, 2007, 64(1): 53-57
- [7] Behera T K, Singh A K, Staub J E, et al. Comparative analysis of genetic diversity in Indian bitter gourd (*Momordica charantia* L.) using RAPD and ISSR markers for developing crop improvement strategies [J]. Sci Hort, 2008, 115: 209-217
- [8] 康建坂,朱海生,李大忠,等.应用 ISSR 技术分析苦瓜种质资源的多态性[J].福建农业学报,2010,25(5):597-601
- [9] Singh A K, Behera T K, Chandel D, et al. Assessing genetic relationships among bitter gourd (*Momordica charantia* L.) accessions using inter-simple sequence repeat (ISSR) markers [J]. J Hort Sci Biotech, 2007, 82(2): 217-222
- [10] 杨衍,刘昭华,詹园凤,等.苦瓜种质资源遗传多样性的 AFLP 分析[J].热带作物学报,2009,30(3):299-303
- [11] Gaikwad A B, Behera T K, Singh A K, et al. Amplified fragment length polymorphism analysis provides strategies for improvement of bitter gourd (*Momordica charantia* L.) [J]. HortScience, 2008, 43(1): 127-133
- [12] 刘政国,熊俏,龙明华,等.苦瓜品种资源聚类分析[J].中国农学通报,2009,25(6):179-182
- [13] Li G, Quiros C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in *Brassica* [J]. Theor Appl Genet, 2001, 103: 455-461
- [14] 陈芸,李冠,王贤磊.甜瓜种质资源遗传多样性的 SRAP 分析[J].遗传,2010,32(7):744-751
- [15] 窦美安,邱文武,吴青松,等.菠萝遗传多样性的 SRAP 分析[J].果树学报,2010,27(6):930-937
- [16] 李严,张春庆.西瓜杂交种遗传多态性的 SRAP 标记分析[J].园艺学报,2005,32(4):643-647
- [17] 马红勃,赖翠英,许旭明,等.基于 SRAP 标记的大花蕙兰种质资源遗传多样性分析[J].植物遗传资源学报,2011,12(4):551-556
- [18] 王凤涛,蔺瑞明,欧阳宏雨,等.利用 SRAP 标记分析河南小麦栽培品种的遗传多样性[J].植物遗传资源学报,2009,10(4):517-521
- [19] 张俊卫,毛庆山,包满珠.梅遗传多样性的 SRAP 分析[J].园艺学报,2011,38(1):117-124
- [20] 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
- [21] Ferriol M, Pico B, Nuez F. Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers [J]. Theor Appl Genet, 2003, 107: 271-282
- [22] 胡开林,付群梅,汪国平,等.苦瓜果色遗传的初步研究[J].中国蔬菜,2002,(6):11-12
- [23] 张菊平,张长远,张树珍.苦瓜基因组 DNA 提取和 RAPD 分析[J].广东农业科学,2002,(4):18-20.
- [24] 郭大龙,吴正景,郑玉萍,等.苦瓜 SRAP 反应体系的建立与优化[J].安徽农业科学,2008,36(18):7583-7585