

普通菜豆生长习性相关基因定位

刘春良, 王兰芬, 武 晶, 王述民

(中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

摘要:普通菜豆生长习性是一个重要的驯化性状。为定位生长习性相关基因,本研究选用无限蔓生型育成品种连农紫芸一号和有限丛生地方品种兔子腿配置杂交组合,构建 F_2 分离群体和 $F_{2:3}$ 家系。遗传分析表明,有限直立对无限蔓生是由1对隐性单基因控制,将该基因命名为 $gh-lz$ 。利用分离群体分组分析法初步将该基因定位在B01连锁群,通过扩大群体和新开发的SSR、In/Del标记进一步将目的基因定位在SSR标记p1t52和In/Del标记In93之间,位于第1条染色体上45453003~45575103 bp之间,区间大小为122100 bp,预测候选区段共包含12个基因,命名为Gene1~Gene12。其中,Gene12为普通菜豆基因 $TFL1$ 。本研究为普通菜豆生长习性相关基因的定位及进一步的功能研究奠定了分子基础。

关键词:普通菜豆;生长习性;遗传分析;隐性基因;精细定位

Mapping of Growth Habit Related Gene in Common Bean

LIU Chun-liang, WANG Lan-fen, WU-Jing, WANG Shu-min

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

Abstract: Common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) originate from two genetic centers, which are the Central American gene pool and the Andean gene pool. Common beans was domesticated in Central American, then taken to the world. The leaf shape, grain and other specific traits changed in the process of domestication of common beans. Especially growth habit, gradually evolved from the indeterminate viny to determinate bush, which is also one of the key factors in the development of mechanized operations. Therefore, the study of growth habit of common beans has a great significance for exploring the origin and domestication of common bean. In this study, the indeterminate viny breed 'Liannong Ziyun No. 1' and the determinate bush local 'Rabbit Leg' (F0404) were used to develop the segregating population. Then, F_2 and $F_{2:3}$ families were planted in Beijing, Henan and Heilongjiang for phenotypic identification and genetic analysis. F_1 population was all indeterminate viny type, and the F_2 population separated determinate bush and indeterminate viny. The genetic analysis of different populations was consistent with the 3:1 ratio, indicating that the growth habit was controlled by single gene, and indeterminate viny was dominant for determinate bush, temporarily named the gene $gh-lz$. In this study, 2802 SSR markers evenly distributed on 11 common bean chromosomes for preliminary screening by bulked segregation analysis method, then the candidate genes were located on chromosome B01 between p1s86 and p1s91 markers. The genetic distance was 15.32 cM. According to the common bean reference genome, the markers were located on chromosome B01 44349833-46886079 bp, the physical distance was about 2.5 Mb. Then, 19 polymorphic SSR markers were developed from the candidate region and used to detect the 57 recombinant plants. The results showed that one recombinant plant was detected by p1t52 marker, no recombinant plants were detected by p1t54, and two recombinant plants were detected by p1t23. The SSR markers p1t52 and p1t23 were used to detect 1066 fine mapped population, and no recombinant plants were found. The target gene was located between p1t52 and p1t23 markers with a physical distance of 135346 bp. Three

收稿日期:2016-09-16 修回日期:2016-10-12 网络出版日期:2017-06-13

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20170613.0901.024.html>

基金项目:国家自然科学基金(31471559);国际合作专项中美农作物基因库采集技术与实践合作研究(2014DFG31860)

第一作者研究方向为菜豆优异基因挖掘。E-mail:oliveleon@sina.com

通信作者:王述民,研究方向为作物种质资源。E-mail:wangshumin@caas.cn

In/Del markers were further developed from the parents according to the predicted gene sequence in the candidate region. Those In/Del molecular markers were used to detect three recombinant plants. Among them, no recombinant plants was detected by In87 and In89, indicating that the marker was co-segregated with the target gene and two recombinant plants were detected by In93. Finally, the target gene was located between p1t52 and In93 markers and co-segregate with the markers In87 and In89. The candidate region located at the chromosome physical position 45453003-45575103 bp, the physical distance was 122100 bp. The predicted candidate region consisted of 12 genes, named *Gene1*-*Gene12*. Functional annotations indicated that candidate genes include serine/threonine protein kinase genes, basic leucine zipper transcription factors, cytochrome P450 genes, etc. Among them, *Gene12* was a common bean gene *TFLI*, which was a homologous gene in *Arabidopsis thaliana* controlling inflorescence growth and development. This study established foundation to reveal location and function of the growth habit genes of common bean.

Key words: common bean; growth habit; genetic analysis; recessive gene; fine mapping

普通菜豆 (*Phaseolus vulgaris* L., $2n = 22$) 为豆科 (Leguminosae) 蝶形花亚科 (Papilionoideae) 一年生植物^[1], 是世界上重要的食用豆类^[2-3], 其生长习性是一个与驯化密切相关的重要农艺性状, 对株高、花期、成熟期、水分利用率、产量等具有重要影响^[4]。植物在驯化后, 形态表型会发生显著变化, 野生菜豆生长习性为无限蔓生型, 在人为和自然选择过程中, 分支减少、节间变短、节间数变少、缠绕习性消失, 产生有限丛生型栽培菜豆^[5]。在此过程中, 生长习性基因与其他相关基因一同被选择, 从而与某些性状表现紧密相关; 同时生长习性也极易受到外界环境因素的影响, 例如, 在短日照和逆境条件下, 生长习性类型将会变得难以区分^[6-7]。普通菜豆生长习性由花序类型和茎类型构成。根据花序和茎的类型, 可将普通菜豆生长习性分为4类, 有限花序丛生型 (type I): 顶端花序有限生长, 主茎矮生直立; 无限花序匍匐型 (type II): 顶端花序无限生长, 主茎匍匐; 无限花序半蔓型 (type III): 顶端花序无限生长, 主茎半蔓; 无限花序蔓生型 (type IV): 顶端花序无限生长, 主茎蔓生^[8]。

无限花序蔓生型普通菜豆在生产上通常与玉米等其他作物间作套种, 也可搭架种植, 但会增加人工和设施成本, 比较适合小规模栽培。而有限直立生长习性品种种植较为广泛, 矮小直立的株型无需搭架, 同时还可以减少生物量, 使生物量在营养生长和生殖生长过程中得到更好的分配, 极大的提高收获指数^[9]。有限直立普通菜豆具备生长期短、成熟期一致, 便于机械化收割等特点, 是普通菜豆规模化种植的理想株型^[10]。

1904年 R. A. Emerson^[11]通过选取有限花序和无限花序品种配置杂交组合, 确定有限花序是由隐

性单基因控制。1915年 J. B. Norton^[12]提出, 无限花序对有限花序为显性, 长茎对短茎为显性, 缠绕茎对直立茎为显性。1947年 H. Lamprecht^[13]提出用 *Fin* 和 *fin* (来自拉丁文 *finitus* 或 *finite*) 代表控制生长习性花序类型的等位基因 (*indeterminate* 和 *determinate*), *tor* (来自拉丁文 *torquere* 或者 *to turn or to twist*) 代表控制茎攀爬习性的等位基因。

目前, 共发现3个普通菜豆生长习性相关基因位点。第1个位点位于普通菜豆第1条染色体 (B01), 该位点存在于大多数有限生长习性品种中^[14-15]。第2个位点位于第7条染色体 (B07), 来源于人工诱变品种^[10, 16]。第3个位点位于第11条染色体 (B11) 末端, 与开花时间、成熟期和叶夹角等位点相连锁^[17]。此外, 采用同源克隆的方法在普通菜豆中克隆到3个拟南芥 *TFLI* (*Terminal Flower 1*) 同源基因, *PvTFLI_x*、*PvTFLI_y*、*PvTFLI_z*, 并分别定位于普通菜豆的 B04、B01 和 B07 染色体上。其中, 定位于 B01 染色体上的 *PvTFLI_y* 与生长习性表型共分离, 同时还鉴定了 *PvTFLI_y* 的单倍型, 并分析了与生长习性的关联性, 最后将 *PvTFLI_y* 转入拟南芥突变体, 进行功能互补验证, 恢复拟南芥野生型表型, 从而进一步验证了 *PvTFLI_y* 与生长习性相关^[18-19]。

本研究选用无限蔓生育成品种连农紫芸一号和有限丛生地方品种兔子腿为研究材料, 并对两者的花序类型和茎类型进行观察和研究, 同时构建 F_2 、 $F_{2:3}$ 群体对生长习性相关基因进行遗传分析并利用分子标记对基因进行精细定位。该研究为图位克隆生长习性相关基因、探索生长习性在普通菜豆驯化过程中的作用及育种生产提供有效的分子标记信息。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验所用亲本:无限蔓生型育成品种连紫芸一号(以下简称连紫一号),有限丛生型地方品种兔子腿(统一编号:F0404),均由中国农业科学院作物科学研究所提供。

2013年11月,北京温室配置连紫一号和F0404杂交组合,构建F₂群体。为排除环境对性状的影响,分别于北京昌平温室(40°N、117°E)(398单株),河南南阳基地(34°N、112°E)(338单株)播种F₂群体;哈尔滨基地(45°N、126°E)播种由昌平温室F₂群体种植得到的F_{2,3}家系(295株系)。种植方式均按每行10株,行距30cm,株距40cm播种。2015年,北京联想桥温室盆栽F₂精细定位群体(1066隐性单株),每盆5株。

1.2 表型鉴定

按照生长习性的定义及分类方法^[8,20],在开花后对表型进行鉴定,表型数据利用SAS 9.1软件进行统计分析。

1.3 普通菜豆基因组DNA提取与混池构建

采用CTAB法提取亲本、F₂单株、F_{2,3}家系基因组DNA^[21]。用1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA纯度,用紫外分光光度计检测DNA浓度,根据测定结果将样品稀释到50ng/μL备用。选取10个有限直立隐性单株DNA等量混合构建隐性混池。

1.4 分子标记分析

本研究所用的分子标记包括:本实验室已开发的均匀分布在普通菜豆11条染色体上的2802个SSR标记;本研究新开发的55个SSR标记和3个In/Del标记;用于鉴定生长习性花序基因*PvTFL1y*基因型的In/Del标记^[19],所有标记均由上海英俊生物技术公司合成。

PCR反应采用10μL体系,包括25ngDNA、1μL10μmol/L引物、5μL2×mix、2.5μLddH₂O。在MJ research thermocycle PCR仪上进行扩增,反应程序为94℃5min;94℃45s,55℃30s,72℃30s,循环30次;最后72℃5min,4℃保存。扩增产物经6%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳,缓冲液为0.5×TBE,220V恒压电泳1.5h左右,电泳结束后快速银染检测,统计带型。

1.5 遗传作图

采用BSA法定位目标基因^[22],利用菜豆11条染色体多态性SSR标记对隐性混池和隐性亲本进

行遗传连锁检测,根据连锁程度初步确定基因所在染色体。将该染色体SSR标记对F₂群体进行多态性检测,统计各单株带型,利用QTL IciMapping v4.0(<http://www.isbreeding.net/>)软件计算SSR标记与目的基因之间的遗传距离并绘制遗传连锁图谱,确定目的基因在染色体上的区段,在目标区段开发新的SSR标记或In/Del标记进行进一步精细定位。以普通菜豆基因组序列为参考^[23],构建覆盖整个目标区段的物理图谱。

1.6 目标区域候选基因的预测及In/Del标记开发

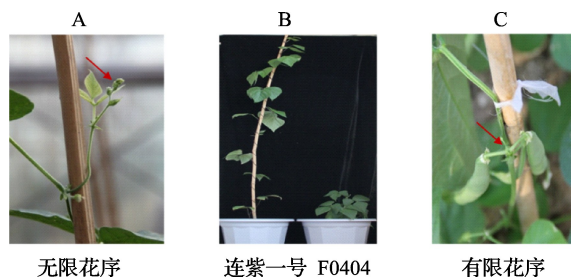
根据精细定位结果,利用Softberry基因预测软件(<http://www.softberry.com/>),对候选区段序列进行基因预测,搜索NCBI对候选基因进行注释(<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)。在亲本中克隆候选基因,获得序列后,利用MegAlign进行序列比对,根据亲本间序列差异开发标记。

2 结果与分析

2.1 表型鉴定与遗传分析

本研究选择的亲本连紫一号是育成品种,该品种来源于中美基因库,综合性状良好,对锈病具有一定抗性。其特点是花、茎和荚均为紫色,具有无限生长花序,攀爬缠绕茎(图1A,B)。亲本F0404是地方品种,俗称兔子腿,该品种矮生直立生长,来源于中美基因库(图1B,C)。两份材料在表型上差异显著,适宜构建生长习性相关基因定位群体。

2013年11月,北京温室配置连紫一号和F0404杂交组合共获得83株F₁,均为无限蔓生性状,表明无限蔓生为显性性状。对南阳F₂群体(338单株)表型调查发现,群体性状分离明显,分离为双亲性状,在开花后可以准确地进行花序以及茎类型鉴定。调查结果显示,无限蔓生253株,有限丛生85株,经卡方检测, $\chi^2_{(3:1)} = 0.04 < \chi^2_{0.05} = 3.84$,判断该性状符合3:1单基因遗传(表1)。对北京F₂群体(398单株)进行表型调查,共有292无限蔓生单株,106有限丛生单株,分离比为2.75:1, $\chi^2_{(3:1)} = 0.38 < \chi^2_{0.05} = 3.84$,符合3:1分离比。其F_{2,3}家系种植在哈尔滨,表型调查发现无限蔓生型中有71个纯合家系,149个杂合家系,有限丛生型共有75个纯合家系, $\chi^2_{(1:2:1)} = 0.14 < \chi^2_{0.05} = 5.99$,符合1:2:1分离比(表1)。多年多点数据分析表明有限丛生对无限蔓生是由1对隐性单基因控制,暂命名为*gh-lz*。



A: 亲本连紫一号花序, 红箭头指向无限生长的花序; B: 亲本连紫一号和 F0404 表型; C: 亲本 F0404 花序, 红色箭头指向顶端分生组织停止生长后着生的有限花序

A: Inflorescence of the parent (Lianzi No. 1), red arrow points at indeterminate inflorescence, B: Phenotype of two parents (Lianzi No. 1 and F0404), C: Inflorescence of the parent (F0404), the red arrow points at a determinate inflorescence grown on terminal meristem

图 1 亲本表型鉴定

Fig. 1 Phenotypic identification of growth habit

表 1 连紫一号与 F0404 杂交组合遗传分析

Table 1 Genetic analysis of the cross-combination Lianzi No. 1 × F0404

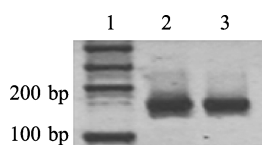
世代	观察点	无限蔓生	有限丛生	实际比值	理论比值	χ^2	P
Generation	Location	Indeterminate viny	Determinate bush	Observed	Theoretical	$\alpha = 0.05$	
连紫一号	哈尔滨/南阳/北京	60	0	—	—	—	—
F0404	哈尔滨/南阳/北京	0	60	—	—	—	—
F ₁	哈尔滨	83	0	—	—	—	—
F ₂	南阳	253	85	3.04:1	3:1	0.004	0.94
F ₂	北京	292	106	2.75:1	3:1	0.38	0.45
F _{2:3}	哈尔滨	71(AA)149(Aa)	75(aa)	1:2.1:1.1	1:2:1	0.14	0.93

AA:无限蔓生纯合家系;Aa:无限蔓生杂合家系;aa:有限丛生纯合家系

AA:Homozygous indeterminate viny, Aa:Heterozygote indeterminate viny, aa:Homozygous determinate bush

2.2 *PvTFLly* 基因标记在亲本中的检测

用来鉴定生长习性花序基因型的 In/Del 标记, 位于基因 *PvTFLly* 3' 端下游。利用该标记对本研究材料进行检测, 在亲本间未发现多态性(图 2)。



1: Marker; 2: 有限丛生亲本 F0404; 3: 无限蔓生亲本连紫一号

1: Marker; 2: Determinate bush parent F0404; 3: Indeterminate viny parent Lianzi No. 1

图 2 *PvTFLly* 基因标记在亲本 F0404 和连紫一号中的检测

Fig. 2 *PvTFLly* marker detected in parent F0404 and Lianzi No. 1

2.3 生长习性基因初步定位

从 2802 个普通菜豆全基因组 SSR 标记中筛选出 310 个亲本间具有多态性的标记, 并利用这 310 个多态性标记对隐性混池和隐性亲本进行遗传连锁分析, 将目的基因定位在第 1 条染色体上。利用 B01 染色体 21 个多态性标记对 398 个 F₂ 单株进行

连锁分析并结合表型鉴定结果, 运用 QTL IciMapping v4.0 软件, 将目的基因定位在 SSR 标记 p1s86 和 p1s91 之间, 遗传距离 15.32 cM(图 3)。依据菜豆参考基因组序列, 确定该标记位于第 1 条染色体 44349833 ~ 46886079 bp 处, 物理距离约 2.5 Mb。利用 SSR 标记 p1s86 和 p1s91 对河南群体 83 个 F₂ 隐性单株进行连锁检测, 共得到重组单株共 57 株。

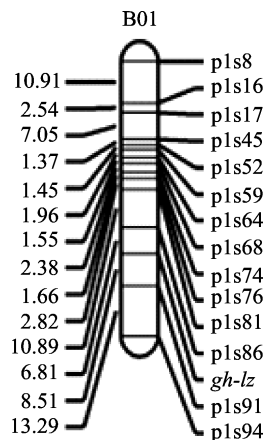


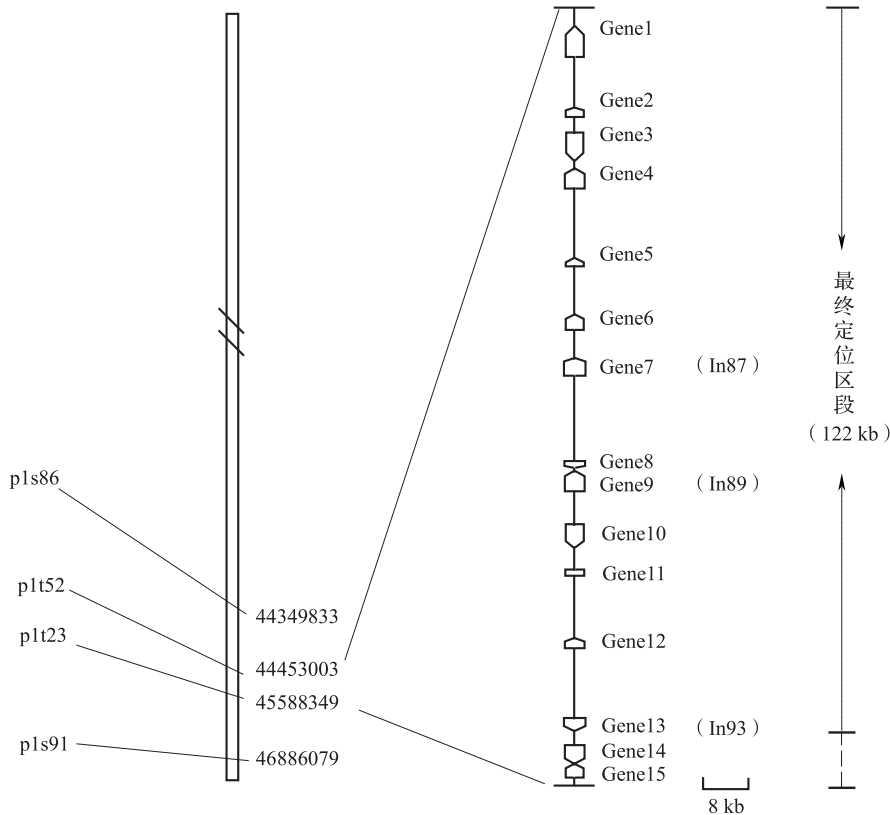
图 3 生长习性隐性基因初定位结果
Fig. 3 Primary mapping of the recessive growth habit gene *gh-lz*

2.4 生长习性基因精细定位

针对 p1s86 到 p1s91 区段开发 19 个多态性 SSR 标记,利用这些标记对 57 个重组单株进行遗传检测,其中 p1t52 标记检测到 1 个重组单株,p1t54 检测到 0 个重组单株,p1t23 检测到 2 个重组单株。利用 SSR 标记 p1t52 和 p1t23 对 1066 株隐性精细定位群体进行连锁遗传检测,未发现新重组单株。因此,将目的基因定位

在 p1t52 和 p1t23 标记之间,长度为 135346 bp。

利用 Softberry 软件(<http://www.softberry.com/>)对区段内 135346 bp 序列基本特征进行分析。结果表明,该段序列由编码基因序列和非编码基因序列组成,并预测出 15 个候选基因结构,分别命名为 *Gene1* ~ *Gene15*,其中有 6 个预测基因正向编码蛋白,9 个预测基因逆向编码蛋白(图 4)。



A: 目标区域物理图谱;B: 目标区段内预测基因 *Gene1* ~ *Gene15*。白框代表基因结构,箭头代表基因方向,括号内 In87、In89、In93 是根据相应预测基因开发的 In/Del 标记

A: Physical map of target segment, B: Predicted *Gene1*-*Gene15* in target segment. White box represents candidate gene, arrow direction represents direction of gene encoding, and In87, In89, In93 are the developed markers referring to predicted gene

图 4 *gh-lz* 基因精细定位

Fig. 4 Fine mapping of *gh-lz* gene

根据基因 5'UTR 和 3'UTR 序列设计引物,分别对 15 个候选基因进行亲本目标序列扩增,共得到 10 个基因扩增片段,对这些序列进行测序、比对,发现在连紫一号和 F0404 两个亲本中均存在单核苷酸差异位点,其中有 3 个基因 *Gene7*、*Gene9*、*Gene13* 存在碱基插入缺失。根据两侧位点的碱基插入缺失差异,开发出 3 个基因 In/Del 引物 In87、In89、In93。

分子标记与目的基因连锁性越强,重组单株数目就越少,利用这 3 个 In/Del 分子标记对 3 个重组单株进行检测。其中 In87 和 In89 检测到 0 个重组单株,说明该标记与目标基因共分离,In93 检测到 2

个重组单株。最终,将目的基因定位在 p1t52 和 In93 之间,且与标记 In87 和 In89 共分离,排除 3 个候选基因 *Gene13*、*Gene14*、*Gene15*,锁定在剩余 12 个候选基因中,定位区间为第 1 条染色体物理位置 45453003 ~ 45575103 bp,大小为 122100 bp。

2.5 候选区段基因注释

利用 NCBI(<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>)中 Blast 软件分析发现,12 个候选基因均具有功能注释信息的开放阅读框。根据预测的 mRNA 序列,结合普通菜豆 G19833 转录数据库中 Phvul.001G 中序列,明确基因结构和名称(表 2)。

表 2 候选区段基因注释

Table 2 Predicting gene information mapped in the particular region

编号 Number	基因名称 Gene name	基因位置(bp) Position	基因注释 Gene annotation
Gene1	Phvul.001G188100	45456926 ~ 45462280	Protein kinase superfamily protein
Gene2	Phvul.001G188200	45471000 ~ 45472612	60S acidic ribosomal protein family
Gene3	Phvul.001G188300	45475087 ~ 45479683	Basic-leucine zipper transcription factor family protein
Gene4	Phvul.001G188400	45481000 ~ 45484564	Subtilisin-like serine endopeptidase family protein
Gene5	Phvul.001G188500	45496837 ~ 45498420	CYP94C1 cytochromeP450, family94, subfamily C, polypeptide 1
Gene6	Phvul.001G188600	45506495 ~ 45509704	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein
Gene7	Phvul.001G188700	45513666 ~ 45516784	Uridine-ribohydrolase 1
Gene8	Phvul.001G188800	455321180 ~ 45532573	A20/AN1-like zinc finger family protein
Gene9	Phvul.001G188900	45532820 ~ 45536557	Purple acid phosphatase 22
Gene10	Phvul.001G189000	45542395 ~ 45546302	Purple acid phosphatases superfamily protein
Gene11	Phvul.001G189100	45550280 ~ 45551367	Integral membrane Yip1 family protein
Gene12	Phvul.001G189200	45561512 ~ 45563326	Phosphatidylethanolamine-binding protein family protein

a: 基因在普通菜豆 B01 号染色体上的位置

a: Gene location on common bean chromosome B01

根据基因功能注释信息, *Gene1* 属于丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶家族 (STKs), *Gene2* 属于核糖体蛋白家族, *Gene3* 属于碱性亮氨酸拉链转录因子家族蛋白, *Gene4* 属于枯草杆菌蛋白酶类丝氨酸内肽酶家族蛋白, *Gene5* 属于细胞色素 P450 家族 94, C 亚家族蛋白, *Gene6* 属于酰基水解酶超级家族蛋白, *Gene7* 属于尿嘧啶核苷水解酶, *Gene8* 属于锌指蛋白家族, *Gene9* 属于酸性磷酸酶 22, *Gene10* 属于紫色酸性磷酸酶家族蛋白, *Gene11* 属于跨膜蛋白 Yip1 家族蛋白, *Gene12* 属于磷脂酰乙醇胺结合蛋白家族蛋白, 与拟南芥中控制花序生长发育的基因 *TFL1* 是同源基因。

3 讨论

普通菜豆生长习性是一个重要的驯化性状。目前, 生长习性的研究大部分集中在有限型无限型花序方面。迄今为止, 共有 3 个普通菜豆生长习性相关基因位点分别被定位于 B01、B07、B11 染色体上^[18]。目前, 尚无对普通菜豆生长习性相关基因精细定位的报道。本研究精细定位了源于无限蔓生材料连紫一号的蔓生单基因 *gh-lz*, 该基因定位于 B01 染色体上分子标记 p1t52 和 In93 之间, 标记间物理距离为 122100 bp。该区段预测有 12 个候选基因, 其中包括拟南芥中控制花序生长发育的基因 *TFL1* 的同源基因, 推断该基因可能是 *gh-lz* 的候选基因。

拟南芥生长习性相关基因 *TFL1*, 是拟南芥抑制

开花和花分生组织分化的重要调控因子, 在西红柿 (*Lycopersicon esculentum* Mill.) 和金鱼草 (*Antirrhinum majus* L.) 也分别克隆到其同源基因 *CEN* 和 *Sp*^[23-25], *TFL1* 的同源基因在不同物种中具有不同表现形式, 因而难以确定该基因所控制的性状。 *TFL1* 在普通菜豆中的同源基因 *PvTFL1y* 在无限蔓生和有限丛生构建的重组自交系中观察到与表型共分离^[18]。除共分离现象外, 该基因在表达水平上也有显著差异; 将 *PvTFL1y* 转入拟南芥突变体, 可以功能互补恢复拟南芥野生型表型, 该基因目前被认为是控制菜豆生长习性相关基因^[19]。而本研究中初步确定的候选基因也包含 *TFL1* 在普通菜豆中的同源基因, 本研究利用 *PvTFL1y* 的功能标记对本实验所用亲本检测, 未发现多态性, 可能原因是连紫一号中含有与 *PvTFL1y* 不同的控制生长习性的基因; 也可能是该标记不能够有效检测普通菜豆 *PvTFL1y* 基因型。

在普通菜豆生长习性早期研究中, 有学者提出用 *Fin* 和 *fin* (来自拉丁文 *finitus* 或 *finite*) 代表控制生长类型的等位基因 (indeterminate 和 determinate), 又用 *tor* (来自拉丁文 *torquere* 或者 *to turn or to twist*) 代表茎的攀爬习性^[13]。根据前人研究结果以及本研究田间表型鉴定, 初步判断普通菜豆生长习性是由有限、无限花序和蔓生、直立茎共同构成, 并分别由 2 个单基因控制。本研究选择无限蔓生和有限丛生亲本配置杂交组合, 后代 F₂ 群体无限蔓生和有限丛生出现 3:1 分离比, 未观察到 2 个等位基

因分离性状,有可能是 2 个基因紧密连锁,同位于候选区段内。在后续研究中将单独对茎蔓生和直立性状进行基因定位,选择茎类型不同的亲本,如无限蔓生(type IV)和无限匍匐型(type II)构建定位群体,进行遗传分析及基因定位,最终对生长习性基因进行全方面的分析。

参考文献

- [1] 郝晓鹏,王燕,田翔,等. 基于农艺性状的山西普通菜豆初级核心种质构建[J]. 植物遗传资源学报,2016,17(5):815-823
- [2] Broughton W J, Hernández G, Blair M, et al. Beans (*Phaseolus* spp.)-model food legumes [J]. Plant Soil, 2003, 252 (1): 55-128
- [3] 王兰芬,武晶,王昭礼,等. 普通菜豆种质资源表型鉴定及多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2016,17(6):976-983
- [4] Evans A M. Beans [M]//Simmonds N W. Evolution of crop plants. London: Longman Group, 1976: 168-172
- [5] Smartt J. Grainlegumes: evolution and genetic resources [M]. Cambridge: Cambridge University Press, 1990: 227-233
- [6] Kretschmer P J, Ozbun J L, Kaplan S L, et al. Red and far-red light effects on climbing in *Phaseolus vulgaris* L. [J]. Crop Sci, 1977, 17(5): 797-799
- [7] Kretschmer P J, Laing D R, Wallace D H. Inheritance and morphological traits of a phytochrome controlled single gene in bean [J]. Crop Sci, 1979, 19: 605-607
- [8] Singh S P. A key for identification of different growth habits of *Phaseolus vulgaris* L. [J]. Annu Rep Bean Improv Coop, 1982, 25: 92-95
- [9] Cober E, Tanner J. Performance of related indeterminate and tall determinate soybean lines in short-season areas [J]. Crop Sci, 1995, 35: 361-364
- [10] Kelly J D. Remaking bean plant architecture for efficient production [J]. Adv Agron, 2001, 71: 109-143
- [11] Emerson R A. Heredity in bean hybrids [C]//17th Ann Rept Nebr Agr Expt Sta, 1904: 33-68
- [12] Norton J B. Inheritance of habit in the common bean [J]. Am Nat, 1915, 49(604): 547-561
- [13] Lamprecht H. The inheritance of the slender-type of *Phaseolus vulgaris* and some other results [J]. Agri Hort Genet, 1947, 5: 72-84
- [14] Koinange E M K, Singh S P, Gepts P. Genetic control of the domestication syndrome in common bean [J]. Crop Sci, 1996, 36(4): 1037-1045
- [15] Poncet V, Robert T, Sarr A, et al. Quantitative trait loci analyses of the domestication syndrome and domestication process [M]//Goodman R. Encyclopedia of plant and crops science. New York: Marcel Dekker, 2004: 1069-1073
- [16] Kolkman J M, Kelly J D. QTL Conferring resistance and avoidance to white mold in common Bean [J]. Crop Sci, 2003, 43 (2): 539-548
- [17] TarAn B, Michaels T E, Pauls K P. Genetic mapping of agronomic traits in common bean [J]. Crop Sci, 2002, 42(2): 544-556
- [18] Kwak M, Velasco D, Gepts P. Mapping homologous sequences for determinacy and photoperiod sensitivity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) [J]. J Hered, 2008, 99(3): 283-291
- [19] Repinski S L, Kwak M, Gepts P. The common bean growth habit gene *PvTFL1y* is a functional homolog of *Arabidopsis TFL1* [J]. Theor Appl Genet, 2012, 124(8): 1539-1547
- [20] Murray M G, Thompson W F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA [J]. Nucl Acids Res, 1980, 8: 4321-4325
- [21] Michelmore R W, Paran I, Kesseli R V. Identification of marker-linked to disease-resistance genes by bulked segregation analysis; a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1991, 88(21): 9828-9832
- [22] Vlasova A, Capella-Gutiérrez S, Rendón-Anaya M, et al. Genome and transcriptome analysis of the Mesoamerican common bean and the role of gene duplications in establishing tissue and temporal specialization of gene [J]. Genome Biol, 2016, 17: 1-18
- [23] Pnueli L, Carmel-Goren L, Hareven D, et al. The *SELF-PRUNING* gene of tomato regulates vegetative to reproductive switching of sympodial meristems is the ortholog of *CEN* and *TFL1* [J]. Development, 1998, 125: 1979-1989
- [24] Ratcliffe O J, Amaya I, Vincent C A, et al. A common mechanism controls the life cycle and architecture of plants [J]. Development, 1998, 125: 1609-1615
- [25] Carmel-Goren L, Liu Y S, Lifschitz E, et al. The *SELF-PRUNING* gene family in tomato [J]. Plant Mol Biol, 2003, 52: 1215-1222