

栽培萝卜植株地上部表型多样性分析

李晓曼,段蒙蒙,王鹏,汪精磊,张晓辉,邱杨,王海平,宋江萍,李锡香

(中国农业科学院蔬菜花卉研究所/农业部园艺作物生物学与种质创制重点实验室,北京 100081)

摘要: 萝卜是我国重要的蔬菜作物,为了充分了解和有效利用国家蔬菜种质资源库栽培萝卜种质资源遗传多样性,以中期库经过初步鉴定的635份栽培萝卜种质为材料,对其植株地上部分39个表型性状进行了系统调查和分析。结果表明:(1)在19个质量性状中,下胚轴颜色的Shannon-Weiner多样性指数最高,为1.72,长角果着生姿势最低,为0.47,平均多样性指数为1.11。(2)20个数量性状的变异系数分布范围是13.33%~93.97%,平均变异系数为37.96%,其中小裂片间距的变异系数最大,花萼长度的变异系数最小;这20个数量性状的Shannon-Weiner多样性指数的变化范围为1.20~2.15,多样性指数平均值是1.94;其中花瓣宽和千粒重的多样性指数最高(2.15),其次分别是花瓣开展度(2.14)、子叶长(2.13)、花瓣长(2.13)、花萼长(2.12)和子叶凹槽深(2.11);基生叶叶片宽度的多样性指数最低(1.20)。(3)采用SAS 9.2对参试材料20个数量性状的主成分分析结果表明,7个主成分因子的累计贡献率达72.87%。(4)根据非加权组平均法(UPGMA),将供试材料分为5大类群,其中第I类群包含1份种质,该种质为德国引进,角果长度最长为204.70 mm,角果喙长最长为122.90 mm,且长角果颜色为紫色;第II类群包含4份种质,角果平均长度、喙长、平均单角果粒数、花瓣平均长度、花瓣平均宽度和花瓣开展度6个数量性状数值在5个类群中最小;第III类群包含1份种质,其子叶宽度、子叶叶柄长度、花瓣长度、花瓣宽度、花萼长度、花瓣开展度在5个类群中均最大,且叶脉色和叶柄色均为紫色;第IV类群包含428份材料,其又可分为两个亚群,第IV-1亚群包含50份材料,主要是长美萝卜和油萝卜,第IV-2亚群包含378份材料,花叶类型占98.94%;第V类群包含201份材料,全部为板叶类型材料。研究结果为辨识和利用栽培萝卜种质资源提供了有效信息。

关键词:栽培萝卜;种质资源;表型性状;遗传多样性

Phenotypic Diversity Analysis of Cultivated Radish (*Raphanus sativus L.*)

LI Xiao-man, DUAN Meng-meng, WANG Peng, WANG Jing-lei, ZHANG Xiao-hui,

QIU Yang, WANG Hai-ping, SONG Jiang-ping, LI Xi-xiang

(Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Science/

Beijing Research Station of Vegetable Crop Gene Resource and Germplasm Enhancement, Ministry of Agriculture, Beijing 100081)

Abstract: Radish (*Raphanus sativus L.*) is an important vegetable crop which has undergone significant changes during domestication and has rich variability. The objective of this study is to understand the diversity of *R. sativus* germplasm resources conserved in the national mid-term genebank of vegetable germplasm in China, with the aim of further effective research and utilization. We screened 635 cultivated radish accessions with representative characteristics from different countries or regions based on preliminary catalog data in the existing database, and here we systematically investigated 39 phenotypic traits on the upper parts. With that, the diversity analysis, principle component analysis and clustering analysis were performed. Among the 19 qualitative traits, The Shannon-Weiner diversity index of hypocotyl color (1.72) was highest and the Siliques setting posture was the least (0.47), the

收稿日期:2017-11-24 修回日期:2017-12-29 网络出版日期:2018-05-21

URL:<http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20180518.1717.002.html>.

基金项目:“十三五”国家重点研发计划课题(2016YFD0100204-2);农作物种质资源保护项目(2017NWB037);中国农业科学院科技创新工程
协同创新任务(CAAS-XTCX2016016-4-4, CAAS-XTCX2016001-5-2)

第一作者研究方向为蔬菜种质资源学。E-mail:821906293@qq.com

通信作者:李锡香,研究方向为蔬菜种质资源学。E-mail:lixixiang@caas.cn

average of diversity index was 1.11. The variable coefficient (CV) of 20 quantitative traits were from 13.33% to 93.97%, the average variable coefficient was 37.96%. The CV of Distance between lobelets was the highest and the least variability was calyx length; The Shannon-Weiner diversity index (I) of 20 quantitative traits was varied from 1.20 to 2.15 and the average was 1.94. The diversity index of petal width and 1000-seed weight was the highest (2.15), followed by flower width 2.14, cotyledon length 2.13 and petal length 2.13, sepal length 2.12 and cotyledon notch depth 2.11; the diversity index of leaf width was the least (1.20). The principle components analysis on 20 quantitative traits indicated that the accumulative contribution of 7 principle components accounted for 72.87% of total variation. UPGMA clustering analysis elucidated that the 635 radish germplasms could be divided into 5 groups, the group I had one accession. Its siliques color was purple, the length of the siliques (204.70 mm) and the proboscis length (122.90 mm) was the longest respectively. The group II had 4 accessions, the average of siliques length, Length of beak, Number of seed per siliques, petal length, petal width, flower width, 6 quantitative traits values were the least in the 5 groups. The group III had one accession with purple vein and purple Petiole, cotyledon width, cotyledon petiole length, petal length, petal width, calyx length, flower width were the highest in the 5 groups. The group IV had 428 accessions, being classified into 2 subgroups. One subgroup had 50 accessions, mainly being long pod radish (*Raphanus sativus* L. var. *caudatus* (L.) Hook. f. & T. Anderson) and oil radish (*Raphanus sativus* L. var. *Oleiformis* Pers.); and another subgroup had 378 accessions among which, 98.94% was the leaf with lobelets. The group V had 201 accessions and all of them were leaf without lobelets. Thus, this study provided phenotypic information being valuable for identification and better utilization of cultivated radish germplasm resources.

Key words: *Raphanus sativus* L.; germplasm resources; phenotype; genetic diversity

萝卜(*Raphanus sativus* L.)又名莱菔,属十字花科萝卜属作物($2n=18$),起源于地中海和东亚地区,是我国重要的蔬菜作物。目前,国家蔬菜种质资源中期库收集保存萝卜种质资源2073份^[1],变种和类型丰富。对于萝卜种质资源遗传多样性的准确、合理评价关系到新品种选育、种质创新与利用的成败^[2]。种质资源遗传关系的研究可以运用各种遗传标记^[3],包括形态学标记、细胞学标记、同工酶标记和DNA水平的分子标记^[4]。尽管分子标记越来越多地应用于萝卜种质资源遗传多样性与亲缘关系的研究^[5-13],但形态学标记依然是分类学研究的主要依据,表型性状的多样性分析在评估种质资源多样性方面仍然不可或缺^[14]。学者们对中国萝卜种质资源表型多样性评价做了较多研究。Kang^[15]等利用生殖器官相关性状和SSR标记,研究了包括中国萝卜资源在内的64个野生萝卜和地方品种的地理起源差异,证明花期随着纬度的增加而延长,东南亚品种的花期最早,依据分子标记数据的聚类分析,将萝卜品种分为欧洲品种和亚洲品种。但是目前对于萝卜种质表型多样性的研究大多数仅限于少数几个农艺性状。孔秋生^[6]对56份萝卜种质的10个形态学性状进行了鉴定和分析;韩太利等^[8]利用形态学指标和AFLP标记对33份萝卜材料进行遗传多样性分析

和聚类分析,大致分为绿皮萝卜组、白皮萝卜组、红皮萝卜组;杨丽娟^[2]利用10个形态学标记对127份萝卜种质的研究,发现材料间的平均多样性指数为0.70,并将其分为4大类。同时,由于资源数量的限制,对于反映萝卜多样性方面的信息量仍不足。王夏等^[4]对68份萝卜种质10个形态性状的主成分和聚类进行分析,结果将68份萝卜种质分为了普通红萝卜、樱桃型萝卜和非红普通萝卜。付康军^[16]对80份水果萝卜资源的叶形、根形等35个农艺性状进行Q型聚类分析,将水果萝卜分为两类。

综上所述,现有对我国萝卜种质资源的表型遗传多样性鉴定多限于有限资源和少数性状的鉴定评价,缺乏系统性。本研究在对国家蔬菜种质资源库收集保存的种质资源初步鉴定和编目的基础上,初选表型核心样本635份,利用39个表型性状进行遗传多样性的鉴定评价,以期为资源的深入研究和利用提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

根据国家蔬菜种质资源中期库萝卜种质资源数据库的基本信息初选了栽培萝卜核心样品635份,于2016年12月17日播种于廊坊农场育苗温室,营养钵育苗,于2017年2月26日定植于塑料大棚。

1.2 表型性状调查

分别在幼苗期、开花期和结荚期对萝卜资源的39个地上部表型性状进行调查。在子叶期,对萝卜资源的子叶颜色、下胚轴颜色、子叶保持力、子叶长、子叶宽、子叶凹槽深、下胚轴高度7个性状进行观测;在苗期(15叶1心),对基生叶叶型、叶形、叶尖形状、叶色、叶脉色、叶面刺毛、叶缘、叶裂刻、叶柄色、叶柄长、小裂片对数、小裂片间距、叶片长、叶片宽、叶柄长15个性状进行观测;在萝卜开花期,选择当天盛开的10朵萝卜花,对花色、花瓣形状、柱头长短、花瓣长、花瓣宽、花萼长、花瓣开展度7个表型性状进行调查;结荚期对每个品种的10个长角果的颜色、长角果表面、长角果着生姿势、角果长、角果宽、角果喙长、单角果粒数、种子产量、种子千粒重、种皮颜色10个表型性状进行观测^[14]。具体方法参照《萝卜种质资源描述规范和数据标准》进行。对数量性状运用游标卡尺和卷尺进行测量,并对相关质量性状进行赋值,赋值情况见表1。

1.3 统计方法

应用Excel 2007进行数据的整理和基本分析,采用SAS 9.2对数量性状进行主成分分析;运用软

件Biodap计算Shannon-Weiner信息指数(Shannon和Weiner,1949),以衡量种质资源群体遗传多样性大小,计算公式 $H' = -\sum P_i \ln P_i$ (其中 P_i 为某一性状在第*i*个级别出现的频率)。

数量性状标准化,即利用各个性状的平均值与标准差,按照每0.5s为一级,从 $X_i < X - 2s$ 到 $X_i > X + 2s$,共分为10级^[17],赋级之后生成原始矩阵。运用NTSYS-pc 2.10e软件中STAND程序对原始矩阵进行标准化,对标准化的矩阵采用Simqual程序求相似矩阵,用SHAN程序中的UPGMA(Unweighted pair-group method, arithmetic average非加权成组算数平均法)方法进行聚类分析,并通过Tree plot模块生成聚类图^[6,18]。

2 结果与分析

2.1 萝卜种质资源农艺性状多样性分析

对635份栽培萝卜的39个表型性状进行遗传变异度及多样性分析,从表2可以看出,19个质量性状中,叶柄色的变异系数最大,为82.71%;叶尖形状的变异系数最低,为25.10%,平均变异系数达到了44.87%;质量性状的平均多样性指数为1.11,

表1 萝卜种质资源19个质量性状分级和赋值

Table 1 Description and data standard for radish germplasm

形态性状 Morphological characters	分级和赋值 Criterion						
	1:黄绿	2:浅绿	3:绿	4:深绿			
子叶颜色 CC	1:黄绿	2:浅绿	3:绿	4:深绿			
下胚轴颜色 HC	1:绿白	2:浅绿	3:绿	4:红	5:浅紫	6:紫	
子叶保持力 CM	1:早期脱落	2:中期脱落	3:无脱落				
叶型 LT	1:板叶	2:花叶					
叶形 LS	1:卵圆	2:长卵圆	3:倒卵圆	4:长倒卵圆	5:椭圆	6:长椭圆	7:披针
叶尖形状 SLA	1:锐尖	2:尖	3:圆	4:阔圆			
叶色 LC	1:黄绿	2:浅绿	3:绿	4:深绿			
叶脉色 VC	1:黄绿	2:浅绿	3:绿	4:红	5:浅紫	6:紫	
叶面刺毛 LP	0:无	1:少	2:中	3:多			
叶缘 LM	1:全缘	2:波状	3:锯齿				
叶裂刻 LI	0:无裂刻	1:浅裂	2:深裂	3:全裂			
叶柄色 PC	1:浅绿	2:绿	3:深绿	4:红	5:浅紫	6:紫	
花色 FC	1:白	2:黄绿	3:浅红	4:红	5:紫	6:深紫	7:浅黄
花瓣形状 PS	1:近圆	2:倒卵圆	3:长倒卵圆				8:深黄
柱头长短 SL	1:长	2:平	3:短				9:嵌合色
长角果颜色 SC	1:黄绿	2:绿	3:深绿	4:紫绿	5:紫		
长角果表面 SS	1:光滑	2:波状	3:缢缩				
角果着生姿势 SSP	1:直立	2:悬吊	3:下垂				
种皮色 RSC	1:黄	2:黄褐	3:褐	4:红褐	5:黑褐		

CC:Cotyledon color, HC:Hypocotyl color, CM:Cotyledon maintenance, LT:Leaf type, LS:Leaf shape, SLA:Shape of leaf apex, LC:Leaf color, VC:Vein color, LP:Leaf pubescence, LM:Leaf margin, LI:Leaf incision, PC:Petiole color, FC:Flower color, PS:Petal shape, SL:Stigma length, SC:Siliqua color, SS:Siliqua surface, SSP:Siliqua setting posture, RSC:Radish seed color, the same as below

下胚轴颜色的多样性指数最高为 1.72, 其次是种皮颜色、叶形、叶色、花色、叶面刺毛、叶脉色、子叶颜色、柱头长短、叶缘、子叶保持力、叶柄色、花瓣形状、长角果颜色, 多样性指数值均大于 1, 而叶尖形状、长角果表面、叶型、长角果着生姿势的多样性指数值均小于 1, 其中长角果着生姿势的多样性指数最低, 为 0.47。

20 个数量性状存在不同程度的变异, 其中小裂片间距、种子平均产量、小裂片对数、基生叶宽、喙长具有较大的离散程度, 其中小裂片间距的变异系数

最大, 为 93.97%, 其他性状的变异系数较小, 变异程度比较低, 变异程度最小的性状为花萼长, 变异系数为 13.33%, 平均变异系数为 41.32%; 在多样性指数方面, 花瓣宽、千粒重的多样性指数最高, 均为 2.15, 其次是花瓣开展度, 花瓣长、子叶长、子叶凹槽深、子叶叶柄长、花萼长的多样性指数均超过 2.10, 平均多样性指数为 1.94。数量性状的平均多样性指数明显高于质量性状多样性指数, 说明数量性状的变异更为丰富。

表 2 萝卜种质资源 39 个性状变异分析

Table 2 Numeric variation for *R. sativus* germplasm resources

性状 Traits	均值 Mean	标准差 SD	最小值 Min.	最大值 Max.	变异系数(%) CV	多样性指数 H
子叶长(mm) CL	23.30	4.21	11.43	39.60	18.06	2.13
子叶宽(mm) CW	26.30	4.36	14.86	40.62	16.56	2.10
子叶凹槽深(mm) CNW	4.30	0.98	1.39	7.17	22.79	2.11
下胚轴高度(mm) HH	14.70	5.93	4.31	40.71	40.40	2.02
子叶叶柄长(mm) CPL	28.60	6.73	10.12	54.04	23.52	2.11
小裂片对数 NL	2.31	1.94	0	8	83.98	1.74
小裂片间距(mm) DB	1.16	1.09	0	9.30	93.97	1.71
基生叶长(cm) LL	18.40	4.33	7.93	62	23.55	1.85
基生叶宽(cm) LW	5.82	3.45	3	17.30	59.28	1.20
基生叶柄长(cm) PL	4.50	1.93	1.20	15.30	42.89	1.91
角果长(mm) SLR	58.30	25.41	23.81	328.90	43.58	1.64
角果宽(mm) SW	8.25	1.82	4.45	32.06	13.88	1.92
喙长(mm) LB	27.60	15.57	5.83	198.60	56.43	1.61
角果粒数 NSPS	4.20	1.61	1	9	38.33	2.09
种子平均产量(g) SYPP	11.80	10.68	0.21	123.46	90.82	1.96
花瓣长(mm) RPL	17.90	2.58	10.39	25.46	14.39	2.13
花瓣宽(mm) PW	6.75	1.15	3.06	110.05	17.04	2.15
花萼长(mm) CLR	8.25	1.10	5.25	12.93	13.33	2.12
花瓣开展度(mm) FW	19.30	2.77	7.55	26.69	14.38	2.14
千粒重(g) 1000-SW	10.40	3.31	0.91	26.18	31.92	2.15
子叶颜色 CC	1.89	0.96	1	5	50.79	1.12
下胚轴颜色 HC	3.55	1.84	1	6	51.83	1.72
子叶保持力 CM	2.27	0.76	1	3	33.48	1.07
叶型 LT	1.66	0.47	1	2	28.31	0.65
叶形 LS	4.95	1.48	1	7	29.90	1.50
叶尖形状 SLA	2.55	0.64	1	4	25.10	0.96
叶色 LC	2.45	1.10	1	4	44.90	1.30
叶脉色 VC	2.48	1.14	1	6	45.97	1.14
叶面刺毛 LP	0.83	0.37	0	3	44.57	1.19
叶缘 LM	2.12	0.76	1	3	35.85	1.09
叶裂刻 LI	1.98	1.33	0	3	67.17	1.01
叶柄色 PC	2.14	1.77	1	6	82.71	1.06
花色 FC	4.44	3.58	1	9	80.63	1.27
花瓣形状 PS	1.90	0.71	1	3	37.37	1.05
柱头长短 SL	1.90	0.81	1	3	42.63	1.10
长角果颜色 SC	1.85	0.79	1	6	42.70	1.04
长角果表面 SS	1.67	0.60	1	3	35.93	0.90
长角果着生姿势 SSP	1.17	0.47	1	3	40.17	0.47
种皮颜色 RSC	3.13	1.01	1	5	32.27	1.53

CL: Cotyledon length, CW: Cotyledon width, CNW: Cotyledon notch depth, HH: Hypocotyl height, CPL: Cotyledon petiole length, NL: Number of lobelets, DB: Distance between lobelets, LL: Leaf length, LW: Leaf width, PL: Petiole length, SLR: Siliques length of radish, SW: Siliques width, LB: Length of beak, NSPS: Number of seed per siliques, SYPP: Seed yield per plant, RPL: Radish petal length, PW: Petal width, CLR: Calyx length of radish; FW: Flower width, 1000-SW: 1000-seed weight

2.2 种质资源的主成分分析

本研究对635份栽培萝卜种质的20个数量性状的主成分分析表明:7个主成分的方差贡献率分别为18.48%、14.24%、10.52%、9.06%、7.66%、7.32%、5.60%,累计方差贡献率达到了72.87%,说明前7个主成分基本可以代表原始变量的大部分信息。主成分中各变量的系数是该性状作用大小的一个主要指标。第1主成分的特征值为3.6952,方差贡献率最大,占主导地位,其中有7个性状的特征值(绝对值)比较大。花瓣长的特征向量值为最高(0.3612),其次为花萼长(0.3458)和花瓣开展度(0.3343),种子平均产量具有最小的特征值,为0.0127,说明第1主成分主要反映的是花相关性状方面的信息。第2主成分的方差贡献率为14.24%,其中子叶长的特征向量值为最高的负值(-0.3857),其次是子叶宽的特征向量值(-0.3396),子叶凹槽深特征向量值的绝对值较大,为0.3143,小裂片间距的特征向量值为最小,为0.0051,说明第2主成分主

要反映的是萝卜子叶方面的信息。第3主成分的方差贡献率为10.52%,其中,小裂片间距的特征向量值为最大的正值(0.5698),其次是小裂片对数(0.4737)、基叶叶片长(0.3722)、基叶叶片宽(0.3372);子叶长的特征向量值为最大的负值(-0.4436),子叶凹槽深的特征向量值最小(0.0002),说明第3主成分主要反映的是萝卜基生叶方面的信息。第4主成分的方差贡献率为9.06%,种子平均产量的特征向量值最大(0.4460),其次是角果长(0.4169),喙长的特征向量值的绝对值最小,为0.0046,说明第4主成分主要反映的是萝卜角果方面的信息。第5主成分的方差贡献率为7.66%,其中喙长的特征向量值最大(0.5328),其次是角果长,特征向量值为0.5212,角果宽度的特征向量值为最小的负值,为-0.0130,说明第5主成分主要反映的也是萝卜角果方面的信息。第6主成分的方差贡献率为7.32%,其中种子平均产量的特征向量值最大,为0.4573,其次为角果粒数(0.4325),花瓣开展度的

表3 萝卜种质表型性状的主成分分析表

Table 3 The principle components analysis about morphological trait of *R. sativus* accessions

表型性状 Phenotype trait	主成分特征 Eigenvector of the principal component						
	1	2	3	4	5	6	7
子叶长 CL	0.2996	-0.3857	-0.4436	0.0876	-0.0157	-0.1556	0.1356
子叶宽 CW	0.2660	-0.3396	-0.0712	0.1692	0.0300	0.0969	-0.0885
子叶凹槽深 CNW	0.2424	-0.3143	0.0002	-0.0409	-0.0177	-0.0699	-0.0688
下胚轴高度 HH	0.2089	-0.1698	-0.0444	-0.1249	0.0368	-0.2601	0.2400
子叶叶柄长 CPL	0.2247	-0.3019	-0.0840	0.2041	0.0465	-0.1024	0.3078
小裂片对数 NL	0.1248	-0.1293	0.4737	-0.1556	-0.0459	0.3471	0.2126
小裂片间距 DB	0.0798	0.0051	0.5698	-0.0127	0.0779	0.1845	0.1150
基生叶片长 LL	0.1133	0.1484	0.3722	0.4082	0.1993	-0.1978	0.0518
基生叶片宽 LW	0.1219	0.2112	0.3372	0.1973	0.2813	-0.1966	-0.0246
基生叶柄长 PL	-0.0474	0.2229	-0.1281	0.4082	0.1598	-0.3815	-0.0844
角果长 SLR	0.2776	0.1421	-0.1710	0.4169	0.5212	0.0946	0.0156
角果宽 SW	0.1717	-0.0574	0.0903	-0.2706	-0.0130	0.0468	-0.6377
喙长 LB	0.2498	0.1388	-0.1624	-0.0046	0.5328	0.0600	0.0080
角果粒数 NSPS	-0.0237	0.0335	-0.2580	-0.3066	0.0783	0.4325	0.3155
种子平均产量 SYPP	0.0127	0.0327	0.1563	0.4460	0.1187	0.4573	0.0273
花瓣长 PL	0.3612	0.3012	-0.0372	0.0055	-0.2800	-0.0138	0.1259
花瓣宽 PW	0.2544	0.1439	-0.0011	0.0402	-0.1637	0.1296	-0.2536
花萼长 CL	0.3458	0.2895	-0.0732	-0.0309	-0.2197	0.0319	0.0485
花瓣开展度 FW	0.3343	0.3084	-0.0652	0.0109	-0.3356	-0.0038	0.0801
千粒重 1000-SW	0.1964	-0.2209	-0.2186	0.1921	0.0214	0.2767	-0.3895
特征值 Eigenvalue	3.6952	2.8474	2.1031	1.8126	1.5317	1.4636	1.1196
方差贡献率(%)	18.48	14.24	10.52	9.06	7.66	7.32	5.60
Variance contribution							
累计贡献率(%)	18.48	32.71	43.23	52.29	59.95	67.27	72.87
Accumulative contribution							

特征向量值为最小的负值,为 -0.0038,说明第 6 主成分主要反映的是种子产量方面的信息,与角果相关性状具有密切关系。第 7 主成分中,其中角果粒数的特征向量值为最大的正值,为 0.3155,角果宽度特征向量值为最大的负值,为 -0.6377,说明第 7 主成分反映的是角果方面的信息。

2.3 依据表型性状的萝卜资源聚类分析

依据 39 个表型性状数据,采用 UPGMA 法对 635 份萝卜种质进行聚类分析,将聚类结果转换为协表征矩阵,对协表征矩阵和相似系数矩阵的相关性进行 Mantel 检验。结果表明,2 种矩阵显著相关,相似系数为 0.582,说明聚类结果较好地体现了种质之间的遗传关系。

从聚类图 1 上可以看出在相似系数为 0.25 处,635 份材料可以分为 5 个类群,第 I 类群包括 607 号这 1 份材料,该种质比较特别,花色嵌合色,花瓣形状为倒卵圆,长角果颜色是紫色,长角果表面皱缩,角果着生姿势为悬吊,角果长度(204.70 mm)和角果喙长(122.90 mm)最长。

第 II 类群包括 566 号、545 号、556 号、19 号共 4 份材料,其中 2 份来自日本,1 份来自德国,1 份来自中国,该类群主要特征是基生叶片的平均长度比较长(20.47 cm),基生叶片比较宽(8.28 cm),对应的变异系数较小,分别是 2.59% 和 0.48%;基生叶的叶柄平均长度较短(3.52 cm),变异系数较大,为 53.13%;角果平均长度(40.22 mm)、喙长(16.05 mm)、平均单角果种子数(3 粒)、花瓣平均长度(17.28 mm)和花瓣宽(5.65 mm)、花瓣开展度(17.68 mm),在 5 个类群中均最小。叶型主要为花叶,比例为 75%;叶形全部为长椭圆,叶尖形状全部为圆,叶色主要为绿色,叶缘主要为全缘,花色主要为白色(75%)。

第 III 类群包括 18 号这 1 份材料,子叶平均长度(23.53 mm)在 5 个类群中居于第 2 位;子叶平均宽度(31.75 mm)、子叶平均叶柄长(36.62 mm)、小裂片平均对数(5 对)、小裂片平均间距(2.26 mm)、基生叶片平均长度(23.69 mm)、花瓣平均长度(20.85)、花瓣宽(7.99 mm)、花萼平均长度(9.34 mm)、花瓣平均开展度(21.72 mm),均位于 5 个类群的首位。该类群叶脉色和叶柄色均为浅紫色,花色为嵌合色,花瓣近圆,长角果表面为光滑,角果着生姿势为悬吊,种皮颜色为黄褐色。

第 IV 类群包括 428 份材料,又可分为两个亚群,第 IV-1 亚群包括 50 份材料,主要为长萝卜和油

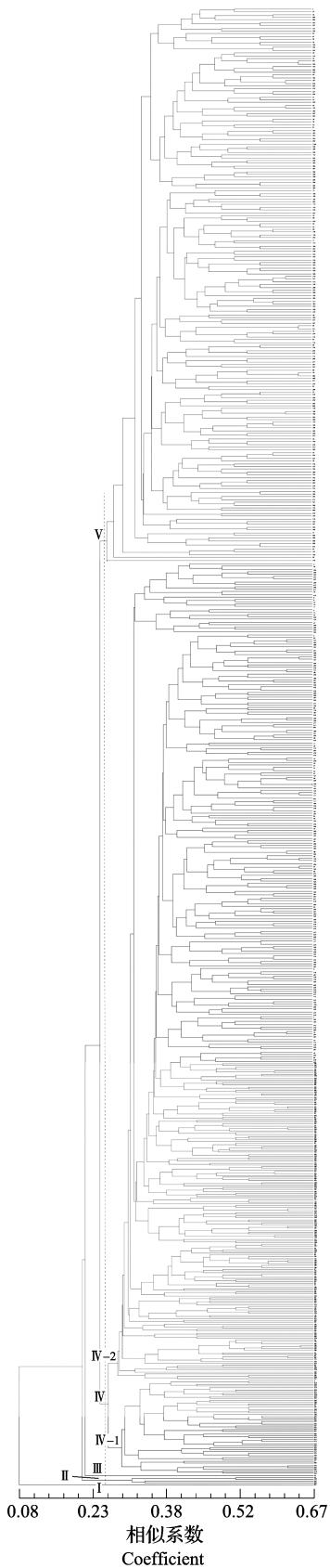


图 1 基于 UPGMA 法的 635 份栽培萝卜种质聚类图(详见电子版)

Fig. 1 Dendrogram of cluster analysis for 635 radish cultivars based on UPGMA (See the electronic version)

萝卜,种子平均产量的变异系数最大,为95.40%,花萼长度的变异系数最小,为12.59%,与第IV类群整体趋势相同。第IV-2亚群包含378份材料,主要为花叶类型,比例为98.94%,其中4份为板叶材料,叶裂刻为深裂;同时还包括16份德国引进的材料和19份日本引进的萝卜品种;在20个数量性状中,种子平均产量的变异系数最大,为97.65%,花萼长度的变异系数最小,为13.27%,平均变异系数为32.02%。质量性状方面,叶尖形状主要为尖和圆,比例分别为42.59%和52.91%;叶面刺毛主要为无,比例为53.70%。

第V类群包含201份材料,全部为板叶类型的萝卜,其中包括6份日本引进的栽培萝卜品种,3份德国引进的品种;材料的特征为:数量性状方面,种子平均产量的变异系数最大,为75.67%,其次为喙长(57.86%),叶柄长的变异系数最小,为13.03%,平均变异系数为28.75%;质量性状方面叶尖形状主要为圆形,比例为63.68%;叶面刺毛主要为无刺毛,比例为57.21%;在叶缘方面,全缘比例为26.37%,波状比例为41.29%,锯齿状比例为32.34%;叶裂刻主要为无裂刻,比例为81.59%;花色主要为白色或者嵌合色,比例分别为43.78%和30.84%;花瓣以倒卵圆为主,比例为48.75%,其次为近圆形,占31.84%;长角果主要为绿色,长角果着生姿势主要为直立,比例占到了87.56%。研究结果表明,萝卜种质资源具有丰富的遗传多样性。

3 讨论

3.1 栽培萝卜种质资源的遗传多样性

形态学性状的准确评价是种质资源鉴定与评价的关键环节^[19]。萝卜生殖器官不仅是萝卜重要的产品器官之一,也是萝卜繁衍后代的载体。生殖器官性状往往比较稳定,在植物分类和遗传上具有重要的应用价值^[20]。在调查的39个表型性状中,包含了17个生殖器官性状,这些性状易于观察与调查,且不易受环境条件的影响。表型性状的多样性可以作为种质资源搜集的重要工具^[21-26]。变异系数和多样性指数都是反映遗传多样性的指标。多样性指数不仅能够反映变异范围的大小,而且能反映出基因型频率的分布,在形态多样性的研究中,多样性指数越高,表明形态性状的多样性越丰富^[4],Shannon-Weaver多样性指数广泛应用于表型性状中质量性状的多样性评价^[27]。本研究分别利用变异

系数和多样性指数对以往鲜有的大规模资源进行遗传多样性分析^[6]发现花瓣宽和千粒重的多样性指数最高,其次是花瓣开展度、花瓣长、单角果粒数。39个性状平均多样性指数远远超过了前人的研究,但变异系数相差不大^[4,6],说明本研究涉及的635份材料具有丰富的变异信息。

3.2 主成分分析在萝卜种质资源研究中的应用

主成分分析是通过降维的方法找出几个综合因子代表原本众多的变量来反映原来标量的信息量^[28]。因为形态学标记间可能存在相关性,所以可以通过主成分分析对形态学标记分类做进一步的分析,以便在不损失或者很少损失原有形态性状信息的前提下,将原来的多个性状转化为个数较少的相关综合指标,从而简化形态学标记的分类工作^[29]。本研究中,对参试材料的20个数量性状进行主成分分析,7个主成分的累计方差贡献率达到了72.87%,7个主成分各自包含的性状信息具有一定的相关性,依据主成分载荷值的大小,将7个主成分因子分为3大类,因子1为一类,主要反映的是花相关方面的信息;因子2、3是一类,主要反映的是叶片相关方面的信息;因子4、5、6、7这4个因子是一类,主要反映的是角果相关方面的信息,与种子产量具有直接的关系;因此,可以利用这3类因子对萝卜种质资源进行综合评价。

3.3 聚类分析在萝卜种质资源亲缘关系研究中的应用

系统聚类分析在揭示密切相关的个体间关系时能提供丰富的信息,被广泛应用于物种内种质资源的遗传关系和分类研究^[29-32],只是在萝卜种质资源的研究中,从未涉及如此规模的样本和数据量的分析。本研究将635份材料分为5个类群,其中第I类群包括的1份引进材料,角果长度和角果喙长最长,角果表面颜色为紫色,为筛选种子产量高的品种提供了可能;第II类群包括4份材料,该类群材料6个数量性状平均值在5个类群中最小;第III类群包含1份种质,且该类群的9个数量性状平均值在5个类群中居于首位;第IV、V类群分别包含428份和201份材料,为两个各具特点的大类群,其他各类群特征明显。说明基于39个表型性状的聚类结果能够较好地实现资源间的辨识和阐明635份栽培萝卜之间的亲缘关系,可为萝卜核心种质库的构建,萝卜种质的有效利用^[1],高效亲本选配方法及高效的杂交模式的建立^[33],以及种质创新和新品种的研发提供理论指导。

参考文献

- [1] 陈发波,李先艳,傅雪梅.中国萝卜种质资源遗传多样性研究进展.长江蔬菜,2014(6):5-9
- [2] 杨丽娟.硫代葡萄糖苷标记鉴定萝卜种质资源遗传多样性的研究.河肥:安徽农业大学,2010
- [3] Seabra Junior S,Lalla J G D,Goto R,Maringoni A C B,Roberto L V,Rouws J R,Oriani E E. Suscetibilidade à podridão negra e produtividade de brócolis em função de doses de nitrogênio e potássio. Horticultura Brasileira,2013,31:426-431
- [4] 王夏,孙菲菲,王强.萝卜种质资源的遗传多样性和聚类分析.江西农业学报,2013(9):37-40
- [5] Yamagishi H,Tateishi M,Terachi T,Murayama S. Genetic Relationships among Japanese Wild Radishes (*Raphanus sativus f. raphanistroides* Makino), Cultivated Radishes and *R. raphanistrum* Revealed by RAPD Analysis. Engei Gakkai Zasshi,1998,67(4):526-531
- [6] 孔秋生.萝卜种质资源遗传多样性和亲缘关系的研究.武汉:华中农业大学,2003
- [7] 柳李旺,龚义勤,伏兵,汪隆植.萝卜品种遗传多样性的SSR标记初步分析.北京:全国蔬菜分子育种研讨会,2004
- [8] 韩太利,李可峰,谭金霞.利用形态学与AFLP标记研究栽培萝卜种质亲缘关系.中国蔬菜,2008,1(9):15-18
- [9] Wang N,Kitamoto N,Ohsawa R,Fujimura T. Genetic diversity of radish (*Raphanus sativus*) germplasms and relationships among worldwide accessions analyzed with AFLP markers. Breeding Science,2008,58(2):107-112
- [10] 孔秋生,李锡香,向长萍,王海平,宋江萍.萝卜种质资源亲缘关系的RAPD分析.植物遗传资源学报,2004,5(2):156-160
- [11] Bae K M,Sim S C,Hong J H,Choi K J,Kim D H,Kwon Y S. Development of genomic SSR markers and genetic diversity analysis in cultivated radish (*Raphanus sativus* L.). Horticulture Environment and Biotechnology,2015,56:216-224
- [12] Rabbani M A,Murakami Y,Kuginuki Y,Takayanagi,K. Genetic variation in radish (*Raphanus sativus* L.) germplasm from Pakistan using morphological traits and RAPDs. Genetic Resources & Crop Evolution,1998,45(4):307-316
- [13] Wang Q,Zhang L,Zheng P. Genetic diversity and evolutionary relationship analyses within and among *Raphanus* species using EST-SSR markers. Molecular Breeding,2015,35(2):62
- [14] 陈碧云,许鲲,高桂珍,闫贵欣,李俊,伍晓明.中国白菜型油菜种质表型多样性分析.中国油料作物学报,2012,34(1):25-32
- [15] Kang E S,Sun M H,Ko H C,Yu H J,Chae W B. Reproductive traits and molecular evidence related to the global distribution of cultivated radish (*Raphanus sativus* L.). Plant Systematics & Evolution,2016,302(10):1-14
- [16] 付康军.水果萝卜种质资源评价及品质特性研究.杭州:浙江农林大学,2014
- [17] 李国强.大白菜核心种质的构建与评价.北京:中国农业科学院,2008
- [18] Rohlf F J. NTSYS-pc-Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, 1998, https://www.researchgate.net/publication/246982444_NTSYS-pc--Numerical_Taxonomy_and_Multivariate_Analysis_System
- [19] Peng L,Ru M,Wang B,Wang Y,Li B,Yu J,Liang,Z S. Genetic diversity assessment of a germplasm collection of *Salvia miltiorrhiza* Bunge. based on morphology,ISSR and SRAP markers. Biochemical Systematics & Ecology,2014,55(2):84-92
- [20] Chakanda R,Van Treuren R,Visser B,Van den Berg R. Analysis of genetic diversity in farmers' rice varieties in Sierra Leone using morphological and AFLP® markers. Genetic Resources and Crop Evolution,2012,60(4):1237-1250
- [21] Li X J,Xu X,Yang X M,Li X Q,Liu W H,Gao A N,Li L H. Genetic diversity among a founder parent and widely grown wheat cultivars derived from the same origin based on morphological traits and microsatellite markers. Crop & Pasture Science,2017,63(4):303
- [22] 邵初阳,何晓兰,徐照龙,张大勇,黄溢洪,卫培培,许玲,刘晓庆,郭士伟,彭陈.甜高粱种质资源多样性及主要农艺参数聚类分析.江苏农业学报,2015(5):984-994
- [23] 范文婧,张倩男,王晓敏,胡新华,付金军,高艳明,李建设.47份大果番茄种质资源表型性状的遗传多样性.江苏农业科学,2017,45(12):92-95
- [24] 万述伟,宋凤景,郝俊杰,张晓艳,李红卫,邵阳,赵爱红.271份豌豆种质资源农艺性状遗传多样性分析.植物遗传资源学报,2017,18(1):10-18
- [25] 刘胤,陈涛,张静,王钰,王浩,汤浩茹,王小蓉.中国樱桃地方种质资源表型性状遗传多样性分析.园艺学报,2016,43(11):2119-2132
- [26] Petruccelli R,Ganino T,Ciaccheri L,Maselli F,Mariotti P. Phenotypic diversity of traditional cherry accessions present in the Tuscan region. Scientia Horticulturae,2013,150(2):334-347
- [27] 江锡兵,龚榜初,刘庆忠,陈新,吴开云,邓全恩,汤丹.中国板栗地方品种重要农艺性状的表型多样性.园艺学报,2014,41(4):641-652
- [28] 鲁绪才.45份辣椒品种(系)的遗传多样性分析.武汉:华中农业大学,2010
- [29] 刘兆普,邓力群,刘玲,綦长海,陈铭达,夏天翔.莱州海涂海水灌溉下菊芋生理生态特性研究.植物生态学报,2005,29(3):474-478
- [30] 杨玉蓉,孙建昌,王兴盛,韩龙植.宁夏不同年代水稻品种的遗传多样性比较.植物遗传资源学报,2014,15(3):457-464
- [31] 赵檀,金柳艳,李远,安浩军,刑志华,王睿辉,刘桂茹,温树敏.基于全基因组的河北省小麦品种遗传多样性分析.植物遗传资源学报,2015,16(1):45-53
- [32] 王风格,田红丽,赵久然,王璐,易红梅,宋伟,高玉倩,杨国航.中国328个玉米品种(组合)SSR标记遗传多样性分析.中国农业科学,2014,47(5):856-864
- [33] 丁厚栋,张尧锋,余华胜,林宝刚,张冬青.甘蓝型油菜种质资源的农艺性状聚类分析.华北农学报,2009,24(S1):103-105