

南方90份秋播区蚕豆粒型性状的SSR关联分析

刘金洋, 周琰琰, 林云, 刘萌萌, 薛晨晨, 陈景斌, 闫强, 吴然然, 陈新, 袁星星

(江苏农业科学院经济作物研究所/江苏省高效园艺作物遗传改良重点实验室, 南京 210014)

摘要: 蚕豆 (*Vicia faba* L.) 是我国重要的食用豆作物, 在我国南方为秋播作物, 主要生产大粒鲜食型蚕豆, 对该地区蚕豆资源进行粒型性状关联分析, 发掘与其关联的分子标记, 有助于鲜食型蚕豆分子标记辅助育种。本研究以90份秋播区蚕豆资源为材料, 于2019年和2020年对其粒型性状进行了表型鉴定; 采用67对多态性的SSR标记对群体进行基因型鉴定, 共扩增出278个等位变异, 平均等位基因数目为4.1, 聚类分析将该资源分成3大类, 其中粒长、粒宽和百粒重3个性状值较大的品种主要分布在A类群。在群体结构分析的基础上, 利用TASSEL软件的MLM(Q+K)模型分析了67个SSR标记与粒型性状的相关性, 通过关联分析共检测到50个与粒型性状显著相关联的分子标记 ($P < 0.001$), 其中有29个标记 P 值小于0.0001。在多年多点的分析中, ICS48和ICS455同时与粒宽和粒重显著关联。根据关联分子标记的稳定性和贡献率, 得到3个与粒型相关的优势等位点: ICS48-H1、ICS51-H1以及ICS455-H3 ($P < 0.0001$; $r^2 > 18\%$)。本研究将有助于我国秋播区蚕豆的分子标记辅助选择和分子设计育种。

关键词: 蚕豆; 遗传多样性; 粒型; SSR关联分析

Associate Studies of Seed Size-related Traits with SSR Markers of 90 Faba Beans in South Autumn Sowing Areas

LIU Jinyang, ZHOU Yanyan, LIN Yun, LIU Mengmeng, XUE Chenchen, CHEN Jingbin,

YAN Qiang, WU Ranran, CHEN Xin, YUAN Xingxing

(Institute of Industrial Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences/ Jiangsu Key Laboratory of Efficient Horticultural Crop Genetic Improvement, Nanjing 210014)

Abstract: Faba bean (*Vicia faba* L.) is an important legume crop in China. Southern China is the autumn planting area of faba bean, where mainly produces large-grained fresh faba bean. The correlation analysis of the seed size-related traits of the faba bean resources from this area was carried out to explore the associated molecular markers applicable for molecular marker-assisted breeding. In this study, phenotype of seed size-related traits in 90 faba bean resources were collected in 2019 and 2020. Sixty-seven pairs of polymorphic SSR markers were used for genotyping, producing a total of 278 alleles with the average alleles of 4.1. The resources were divided into 3 groups by cluster analysis, in which accessions with higher values of seed length, seed width and 100-seed weight are mainly found in the A group. In addition to the population structure analysis, the MLM models (Q+K) of TASSEL software were used to conduct associate studies of seed size-related traits and 67 SSR markers. A total of 50 significantly associated markers ($P < 0.001$) were detected by mixed linear model (MLM) of TASSEL, of which 29 markers had a P -value less than 0.0001. In multiple environments analysis, ICS48 and ICS455 were significantly associated with both grain width and grain weight. According to the association stability and contribution rate, three dominant alleles (ICS48-H1, ICS51-H1 and ICS455-H3) related to seed

收稿日期: 2023-05-19 修回日期: 2023-06-16 网络出版日期: 2023-07-07

URL: <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20230519001>

第一作者研究方向为豆类遗传育种, E-mail: 20200024@jaas.ac.cn

通信作者: 袁星星, 研究方向为豆类作物遗传育种, E-mail: yxx@jaas.ac.cn

基金项目: 国家食用豆产业技术体系 (CARS-08-G15); 江苏省种业振兴“揭榜挂帅”项目 (JBGS[2021]056)

Foundation projects: China Agriculture Research System of Food Legumes (CARS-08-G15); Open Competition Project of Seed Industry Revitalization of Jiangsu Province (JBGS[2021]056)

size were obtained ($P < 0.0001$; $r^2 > 18\%$). This study will contribute to the molecular marker-assisted selection and molecular design breeding of faba bean in autumn planting areas in China.

Key words: faba bean; genetic diversity; seed shape; SSR association analysis

蚕豆(*Vicia faba* L.)是我国第三大豆类作物,据初步统计,2022年全国的蚕豆播种面积为1050万亩。蚕豆籽粒富含蛋白质和淀粉,可作为大宗的植物蛋白和淀粉的来源。蚕豆根部具有庞大的根瘤群,使得蚕豆根系具有高效的固氮能力,是维持农业可持续发展的重要作物^[1]。蚕豆种质具有很强的遗传多样性,因此在世界很多地方都发现蚕豆的踪迹。对蚕豆遗传多样性进行解析,有助于蚕豆育种工作的深入,有助于蚕豆优质资源的挖掘和保护。蚕豆在我国具有悠久的种植历史,考虑到蚕豆重要的经济学和遗传学意义,先后有不少科研人员对蚕豆进行应用研究和应用基础研究。Wang等^[2]利用11个SSR标记对802份来源于不同国家的蚕豆资源进行了群体结构分析,发现中国蚕豆资源与其他地区的资源有明显的遗传分化,同时还发现中国蚕豆资源群体间和群体内的遗传差异较大,春播型和秋播型蚕豆在春化要求、全生育期和籽粒大小等方面存在差异。长期的蚕豆自然进化和人为选择,造就了我国蚕豆丰富的遗传变异和表型多样化,使得我国已经成为世界蚕豆多样化的一个亚中心,中国的蚕豆资源保存中心可以作为一个独立的基因库使用,目前有关我国南方秋播区蚕豆资源的研究报道还比较有限。

近年来,我国南方的蚕豆种植面积呈不断上升的趋势,品种的选择以鲜食蚕豆为主,大籽粒是鲜食蚕豆的主要表型特征之一,到2019年,我国南方的蚕豆种植,鲜食品种比例已上升到50%左右^[3],大籽粒是鲜食蚕豆的最主要的消费品质之一,消费者偏好选择粒型更大的品种。因此对秋播区蚕豆资源进行遗传多样性调查,寻找与粒型性状相关联的分子标记,对于鲜食蚕豆的分子育种工作有重要的意义。作物的单产往往取决于单位面积的籽粒数量和子实大小,对于蚕豆而言,籽粒大小不仅关乎产量,而且和消费者的饮食爱好紧密关联,同时该性状也是驯化和育种过程中的重要选择目标^[4]。从遗传层面来看,种子大小受到父本和母本基因的共同调控,是复杂的数量性状,其调控机制一直都是豆类遗传育种的重点。与谷物不同,十字花科以及豆科作物的籽粒与产量并不是简单的正相关的趋势^[5]。例如在大豆[*Glycine max* (Linn.) Merr.]中,

基因*GmKIX8-1*的缺失或者突变会导致籽粒变大,百粒重增加,最终产量也增加^[6],然而敲除*GmGA3ox1*后会导致大豆籽粒变小,但产量依然提升^[7]。可见在豆科作物中,粒型与产量的关系是非常复杂的,因此深入发掘与粒型相关的基因,对于豆类作物育种而言是非常重要的。对于粒型这样的复杂数量性状的QTL检测,连锁分析(Linkage analysis)和关联分析(Association analysis)是目前比较有效的手段^[8],两种方法分别以遗传群体与自然群体为研究对象^[9]。二者均是基于连锁不平衡为基础,直接挖掘并鉴定出与某一性状变异相关且具有某种功能的标记位点或基因位点。已在作物的株型、动物的脂肪沉积以及产蛋/肉等性状方面都取得了显著的成效^[10]。利用自然群体挖掘并鉴定出与性状变异相关标记的方法^[11-12],在蚕豆中已有成功案例^[13]。目前蚕豆基因组虽然已经公布,但是由于其基因组较大,通过测序开发SNP标记的成本较高,目前相关研究还很滞后^[14],因此使用SSR标记对蚕豆重要的农艺性状进行分析具有重要的实用意义。

复杂性状关联分析方法有MLM^[15]、CMLM^[16]、3VmrMLM^[17]等,为基因组关联分析提供了许多可选择的可能,尤其是基于SNP数据的全基因组关联分析。MLM方法同时还可以进行SSR分子标记的关联分析,是SSR分子标记与目的性状关联分析的最常用方法^[18-21]。目前,豆类粒型和产量的关联分析中,已经得到很多显著的标记位点,为分子标记选择育种提供了良好的基础。例如,在大豆栽培和野生品种主要农艺品质性状与SSR标记的关联分析中,鉴定出41个SSR标记位点与16个性状相关联^[22];赵波等^[23]在小豆种质SSR标记遗传多样性及性状关联分析中鉴定到86个标记位点;潘磊等^[24]在豇豆产量性状与SSR分子标记的关联分析中鉴定到10个标记与8个产量性状关联。目前,蚕豆中已有SSR标记与淀粉含量关联分析的报道,有关产量性状的相关报道还较少^[25]。

为此,本研究以江苏省农业科学院收集的来自秋播区的90份蚕豆种质资源为试验材料,对多年多点的粒型性状与SSR标记基因型数据进行关联分析,找寻与蚕豆粒型显著关联的分子标记,以期通

过SSR分子标记手段,为蚕豆育种提供一定的理论参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究所用90份蚕豆种质资源由江苏省农业科学院提供。这些种质资源来自7个蚕豆秋播区省份,具体资源名称和来源见表1。试验于2019年在

江苏省农业科学院本部豆类试验基地(32.05'N, 118.80'E)和2020年南京市六合区金磁村豆类试验生产基地(32.35'N, 118.83'E)及江苏省农业科学院本部豆类试验基地进行。两年间两地均未出现极端干旱与洪涝天气,土壤气候及水文条件良好,每个蚕豆品种播种10穴,每穴播健康饱满种子1~2粒,行距50 cm,株距10 cm,四周设保护行。蚕豆材料在田间长势良好,适合进行后续性状调查。

表1 90份蚕豆种质资源基本信息表

Table 1 Information of 90 faba bean resources

序号 Code	收集编号 Collecting number	名称 Name	来源 Sources	序号 Code	收集编号 Collecting number	名称 Name	来源 Sources
1	Vf002	TC25优3-2	江苏	30	Vf098	云1826	云南
2	Vf004	苏鲜4号	江苏	31	Vf100	苏蚕1号	江苏
3	Vf010	201413c13306	重庆	32	Vf102	海门大青皮	江苏
4	Vf012	c089	四川	33	Vf104	凤08119	贵州
5	Vf022	苏3101	江苏	34	Vf106	凤01005	贵州
6	Vf024	S9201	重庆	35	Vf110	云4466-1	云南
7	Vf026	9205	重庆	36	Vf112	11-235	江苏
8	Vf028	S9205	重庆	37	Vf114	11-209	江苏
9	Vf030	c09033	重庆	38	Vf116	11-223	云南
10	Vf032	c09174	贵州	39	Vf120	11-216	云南
11	Vf040	苏蚕2号	江苏	40	Vf122	11-213	江苏
12	Vf042	9312	四川	41	Vf124	11-227	江苏
13	Vf044	9308	四川	42	Vf126	11-110	云南
14	Vf046	SC095	四川	43	Vf128	11-136	四川
15	Vf048	繁27	江苏	44	Vf130	11-126	四川
16	Vf050	凡18	江苏	45	Vf132	11-234	重庆
17	Vf056	11-209	江苏	46	Vf136	11-137	安徽
18	Vf060	9206	江苏	47	Vf142	11-210	四川
19	Vf062	33664	江苏	48	Vf144	CD12108	四川
20	Vf064	9207	江苏	49	Vf148	11-132	江苏
21	Vf066	凡18	江苏	50	Vf150	11-242	重庆
22	Vf068	繁18	江苏	51	Vf154	C09084	江苏
23	Vf072	繁15	江苏	52	Vf156	C076	江苏
24	Vf076	11-115	云南	53	Vf158	C046	江苏
25	Vf078	11-201	云南	54	Vf160	苏3010	江苏
26	Vf084	C033	四川	55	Vf164	11-240	江苏
27	Vf088	通鲜6号	江苏	56	Vf168	苏3021	江苏
28	Vf094	成2003	四川	57	Vf172	C109	四川
29	Vf096	苏蚕3号	江苏	58	Vf176	C050	湖北

表1(续)

序号 Code	收集编号 Collecting number	名称 Name	来源 Sources	序号 Code	收集编号 Collecting number	名称 Name	来源 Sources
59	Vf178	C062	湖北	75	Vf220	9075-1	江苏
60	Vf180	B410	湖北	76	Vf222	C083	江苏
61	Vf186	C088	四川	77	Vf224	9088	江苏
62	Vf188	C105	重庆	78	Vf226	9145	湖北
63	Vf190	C042	重庆	79	Vf228	9025	四川
64	Vf192	C091	江苏	80	Vf230	9109	四川
65	Vf194	C016	四川	81	Vf232	9034	重庆
66	Vf196	C079	四川	82	Vf234	9110	重庆
67	Vf198	C094	江苏	83	Vf236	9005	重庆
68	Vf200	C077	湖北	84	Vf238	9080	四川
69	Vf202	9061	湖北	85	Vf240	9076	江苏
70	Vf206	C09146	四川	86	Vf242	9128	安徽
71	Vf208	9176	贵州	87	Vf244	9021	四川
72	Vf210	9063	贵州	88	Vf246	9105	江苏
73	Vf212	9640	贵州	89	Vf248	9004	贵州
74	Vf214	9013	四川	90	Vf250	9051	江苏

1.2 试验方法

1.2.1 表型数据调查 表型性状的调查参考《蚕豆种质资源描述规范和数据标准》^[26]。每个品种调查10株或10个重复。调查性状为蚕豆6个籽粒相关性状,主要包括粒重(开花后30 d的鲜粒重(百粒鲜籽粒重)、百粒重(本研究特指百粒干籽粒重)、干籽粒粒型(记为粒长和粒宽)和鲜籽粒粒型(记为鲜粒长和鲜粒宽),表型取均值数据保留2位小数。

使用 Microsoft Excel 2019 记录并计算6个籽粒相关性状的均值、标准差、变异系数和多样性指数,其中多样性指数 $H = \sum (P_i) (\ln P_i)$ ^[26]。各性状间的相关性采用 SPSS 软件进行计算。表型数据聚类分析采用 Origin 2022 软件进行分析。

1.2.2 蚕豆 DNA 的提取与 SSR 分析 采用改良的 CTAB 法提取幼苗期蚕豆叶片(1 g)基因组 DNA^[27]。干燥后的 DNA 样品中加入 50 μ L 的 TE 缓冲液,充分溶解之后利用 K5800 微量分光光度计测定样品浓度,再用去离子水稀释到 50 ng/ μ L 即为工作液。PCR 反应总体积为 10 μ L,其中包含 1 μ L 的 DNA 工作液、5 μ L 2 \times Mix(擎科生物,北京)、1 μ L 前引物(10 μ mol/L)、1 μ L 后引物(10 μ mol/L)、2 μ L 的灭菌去离子水。PCR 扩增程序为 95 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 55~60 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s, 循环 34 次; 72 $^{\circ}$ C 终延伸 5 min。扩增产物在预变性的 8% 聚丙烯

酰胺凝胶上 220 V 恒电压电泳 1.5 h, 利用银染法显色, 获得清晰条带。按照带型自下而上“1~n”进行标记, 有条带的读“1”, 无条带的读为“0”, 将堆区结果按二进制矩阵录入转化成等位基因数。Yang 等^[28]对 247 份秋冬型蚕豆混合 DNA 样品进行测序分析, 筛选出 465 对多态性 SSR 标记并构建了一套蚕豆遗传连锁图谱。本研究从 465 对多态性 SSR 标记中选择了 67 对扩增效果较好的引物用于秋播区蚕豆资源的基因型聚类分析和关联分析, 引物序列详见 <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20230519001>, 附表 1。

1.2.3 群体结构分析 使用 Structure 2.3.4(https://web.stanford.edu/group/pritchardlab/structure_software/), 对 90 个蚕豆 SSR 标记进行聚类, 设定群体数目 K=2 到 K=7, MCMC 的不作数迭代设为 10000 次, 利用 3 个以上重复的 K 值对应的 LnP(D) 值平均值及其标准差, 计算 ΔK 峰值拐点, 选取一个合适的 K 值。

1.2.4 关联与统计分析 利用 TASSEL 软件的 MLM 中的 Q+K 模型进行 SSR 标记与性状的关联分析, 同时计算每个标记的遗传力^[29], Q 矩阵作为 GWAS 的固定效应协变量矩阵(Q 矩阵), 用以控制群体结构造成的假阳性。材料间不平衡的亲缘关系(K 矩阵)是导致标记出现非连锁相关的重要原因, 为了避免这种情况的产生, 亲缘关系矩阵作为

随机效应协变量矩阵(K矩阵)加入MLM模型。分析90份蚕豆种质3个粒型表型性状(粒长、粒宽、百粒重)与其SSR标记之间的关联性。表型缺失值记为NA,显著标记统计标准为 $P<0.01$ ^[30-31]。

采用 t 检验对不同基因型的种质资源在种子大小及粒重性状上进行差异性分析(以 $P\leq 0.05$ 为显著性差异阈值);利用Pearson相关性分析粒重与粒型之间的显著关系(在0.05和0.01概率水平下的显著性分别用*和**表示)。

2 结果与分析

2.1 蚕豆资源粒型性状分析

90份蚕豆种质资源的6个粒型性状均呈现较为丰富的表型变异(表2)。变异系数范围为12.24%~28.57%,平均值为18.60%。粒长性状平均值加标准差为 20.87 ± 2.55 mm,变异系数为12.24%。粒长最短为15.70 mm,最长为27.70 mm,粒长范围在19.70~21.70 mm的种质最多,有30份;范围在

25.70~27.70 mm的种质最少,有3份。粒宽的平均值加标准差为 14.99 ± 2.06 mm,变异系数为13.72%。粒宽最窄为11.41 mm,最宽的为22.61mm,粒宽范围在13.01~14.61 mm的种质最多,为30份;范围在21.01~22.61 mm的只有1份。百粒重的变异系数为25.53%,平均值为加标准差为 127.39 ± 32.53 g,最低的为75.29 g,最高的为195.99 g,这与此前的报道认为南方秋播区偏向于大籽粒蚕豆品种选育的趋势不一致。由于秋播区以鲜食蚕豆为主,对未成熟的籽粒进行了相应的调查,结果与干籽粒的调查结果基本一致:鲜粒长均值加标准差为 2.57 ± 0.41 cm,变异系数为16.11%;鲜粒宽的均值加标准差为 1.80 ± 0.28 cm,变异系数为15.43%;鲜粒重的变异系数为28.57%。秋播区的蚕豆资源粒型变异范围较大,遗传多样性较丰富。这些性状的表型数据变异系数均在10%以上,Shannon指数均大于1.5(表2),说明这90份蚕豆资源多样性丰富,在粒型与粒重性状上存在广泛的遗传多样性。

表2 90份蚕豆种质资源粒型性状的多样性分析

Table 2 Diversity analysis of seed traits of 90 faba beans resources

性状 Traits	均值 Mean	标准差 SD	幅度 Range	变异系数(%) CV	Shannon指数 H'
粒长(mm) SL	20.87	2.55	10.57	12.24	1.6302
粒宽(mm) SW	14.99	2.06	9.79	13.72	1.6009
百粒重(g) HDW	127.39	32.53	120.70	25.53	1.4991
鲜粒长(cm) FSL	2.57	0.41	2.35	16.11	1.6946
鲜粒宽(cm) FSW	1.80	0.28	1.33	15.43	1.5175
鲜粒重(g) HFW	29.76	8.50	42.75	28.57	1.6228

SL, SW, HDW, FSL, FSW and HFW represent seed length, seed width, 100-seed dry weight, fresh seed length, fresh seed width and 100-seed fresh weight, respectively; The same as below

同时,在粒型性状与百粒重的相关性分析中(表3),无论是鲜籽粒还是干籽粒的粒宽和粒长与百粒重均显著正相关($r>0.5$; $P<0.01$),其中干籽粒的粒宽和粒长与百粒重相关性 r 值分别为0.943和0.878($P<0.01$)。百粒重与籽粒大小密切相关,蚕豆百粒重的增加主要来自粒长与粒宽的增加,因此研究粒宽与百粒重的遗传机制,对于利用分子设计方法进行高产育种及培育优良品种具有重要参考价值。

2.2 基于SSR标记的聚类分析

本研究使用67对扩增效果较好的引物用于90份蚕豆资源的基因型分析,结果显示,67对SSR引物共扩增出278个等位变异,平均等位基因数目为4.1,其中扩增出最多等位基因型数目的标记是ICS434,共扩增出14个等位基因型。ICS43、ICS54、

ICS99、ICS375、ICS402和ICS409扩增出等位基因型数目最少,均为2个等位基因型。该群体的等位基因数明显较小,其遗传背景相比于此前的研究群

表3 90份蚕豆种质资源粒型性状的相关性分析

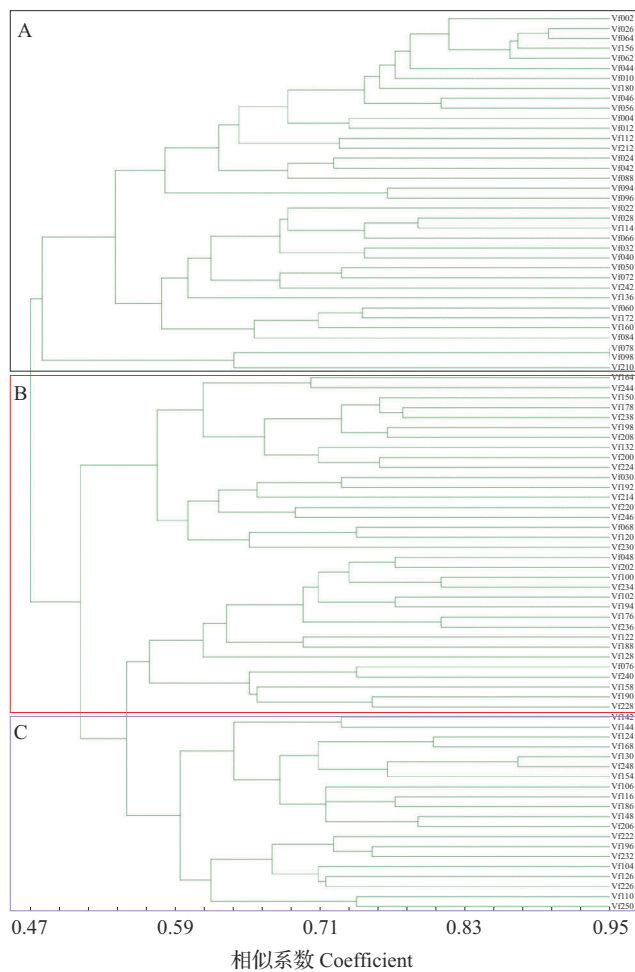
Table 3 Correlation analysis of seed-size traits of 90 vicia faba germplasm resources

性状 Traits	鲜粒长 FSL	鲜粒宽 FSW	粒长 SL	粒宽 SW	百粒重 HDW
鲜粒长 FSL	1.000				
鲜粒宽 FSW	0.572**	1.000			
鲜粒重 HFW	0.787**	0.732**			
粒长 SL	0.641**	0.614**	1.000		
粒宽 SW	0.685**	0.658**	0.930**	1.000	
百粒重 HDW	0.635**	0.549**	0.943**	0.878**	1.000

** : 在 $P<0.01$ 水平上显著

** : Significance at the $P<0.01$ levels

体相对狭隘。在90份秋播区蚕豆资源亲缘关系研究中,本研究利用UPGMA方法对67个SSR标记所得数据进行了亲缘关系分析,结果显示90份秋播区蚕豆资源可以大致分成3个类群(图1),分别命名为A类群、B类群和C类群。其中A类群和B类群均包含36份资源,C类群则包含18份蚕豆资源。粒长、粒宽和百粒重3个性状值较大的品种主要分布在A类群,占83.3%(30/36),较小的品种主要分布在C类群,占44.4%(8/18)。同时,秋播区蚕豆资源未发现明显的地理位置相关性,每一类群中均能发现来自各个省份的蚕豆资源,这有可能是地区间相互引种导致的。将聚类分析结果作为亲缘关系分析结果。



黑色、红色和紫色方框内分别代表类群A、B以及C类群
Black, red, and purple boxes represent A group, B group and C group, respectively

图1 基于SSR标记数据的蚕豆种质资源遗传聚类图
Fig. 1 Genetic clustering map of faba beans germplasm resources based on SSR genotyping data

进一步比对发现,A类群中资源的粒长、粒宽和百粒重均显著高于B类群以及C类群,而B类群与

C类群之间在这3个性状上差异均不显著($P>0.05$) (图2)。此外粒型大小与资源聚类存在很高的相关性,尤其是大籽粒品种,主要分布在A类群中(图1),说明在我国秋播区的大籽粒蚕豆亲缘关系较近。

2.3 群体结构分析

利用Structure 2.3.4软件对90份蚕豆材料的群体结构分析,采用基于 ΔK 的最大似然法估计并确定最适亚群数(K值)。结果显示,当 $K=4$ 时, ΔK 出现拐点, ΔK 此时出现最小峰值(图3A),种质最适亚群数目为4。同时该群体结构分析结果将用于后续的关联分析(图3B)。每个个体代表图中的一个柱状堆叠图,从结果看出有些个体血统较为纯正,有些则出现了混杂(图3B),相关结果将作为关联分析的固定效应协变量矩阵(Q矩阵),用于随后的关联分析。

2.4 粒型性状与基因型的关联分析

表型分析显示秋播区的90份蚕豆种质资源有较好的多样性,分子标记检测也验证了这一结论,该群体适合进行粒型等性状的关联分析。在TASSEL软件中,利用混合线性模型(MLM)将表型数据与基因型数据进行回归分析,挖掘与粒型性状相关联的位点。在 $P<0.01$ 的水平下,共发现了50个显著相关的标记,17个标记与粒宽相关联,其中标记ICS455在两年两点的测试中均稳定存在(表4)。标记ICS27、ICS34、ICS48、ICS51、ICS371、ICS385和ICS429在2019年六合试验点和2020年南京试验点的数据中均稳定存在,其中ICS27、ICS34、ICS48和ICS51位于第1连锁群;ICS371、ICS385和ICS429位于第5连锁群;ICS455则位于第7连锁群。在粒长的分析中,15个标记与粒长关联。这些标记的稳定性较差,只在2019年南京的表型数据中检测到,其中ICS3、ICS8、ICS27、ICS34、ICS36、ICS48和ICS51位于第1连锁群,标记ICS185位于第2连锁群,标记ICS283和ICS323位于第4连锁群,标记ICS385和ICS429位于第5连锁群,标记ICS449和ICS455位于第7连锁群。此外,本研究共检测到18个标记与百粒重显著关联,其中标记ICS48、ICS51、ICS179、ICS385和ICS455在2019年南京和2020年六合的表型数据分析中均检测到。标记ICS48、ICS51、ICS385和ICS455与粒宽和百粒重显著相关;ICS48和ICS51位于第1连锁群,ICS385位于第5连锁群,ICS455位于第7连锁群。ICS179与百粒重显著相关,位于第2连锁群(表4)。

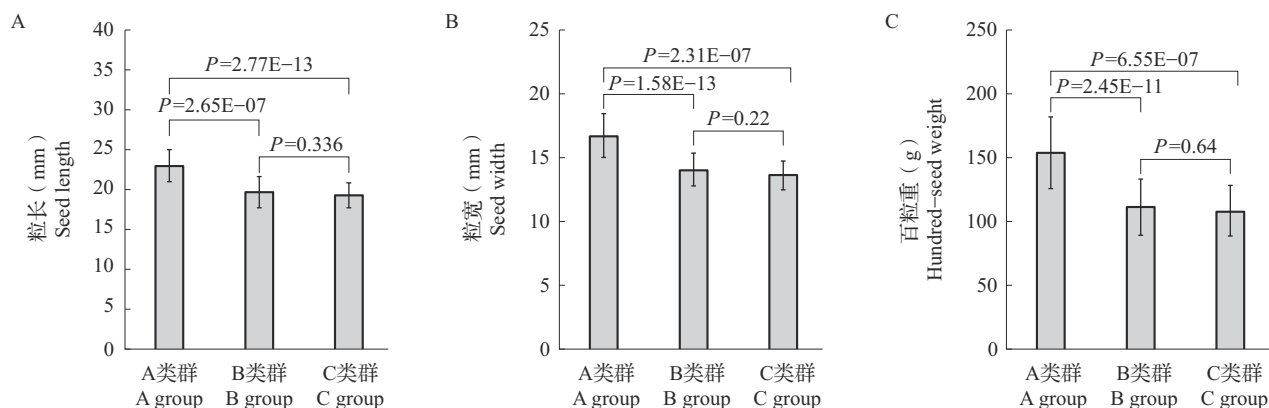
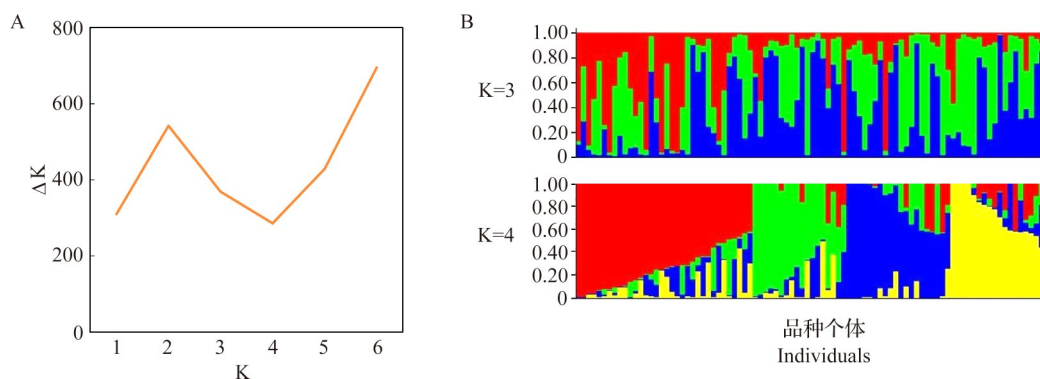


图2 蚕豆资源类群间粒型性状比较

Fig. 2 Comparison of seed type phenotypes among faba bean groups

A: 基于SSR标记的K值与 ΔK 值折线图; B: K=3和K=4时, 90份供试蚕豆种质的群体分布, 图中不同颜色表示不同亚群

A: Line chart of K value and ΔK value based on SSR markers; B: Population distribution of 90 tested broad bean germplasm at K=3 and K=4, respectively. Different colors in the figure represent different subgroups

图3 90份供试蚕豆种质的群体结构

Fig. 3 Population structure of 90 faba beans

在与粒型及粒重性状相关联的50个位点中, 有29个标记 P 值小于 0.0001, 其中 ICS48、ICS385、ICS429 和 ICS455 4个位点与粒宽显著关联, 并在2019年及2020年六合试验点的2个环境中均可检

测到。同时, ICS48 和 ICS455 2个位点还与百粒重显著关联, $r^2 > 18\%$ (表4)。然而, 在多年多点的分析中没有找到与粒长显著关联的位点。

表4 蚕豆粒型显著关联SSR标记信息

Table 4 SSR marker information was significantly correlated with broad bean grain type

性状 Traits	2019南京 2019 Nanjing				2020六合 2020 Liuhe				2020南京 2020 Nanjing			
	标记 Marker	连锁群 LG	P 值 P -value	遗传率 (%) r^2	标记 Marker	连锁群 LG	P 值 P -value	遗传率 (%) r^2	标记 Marker	连锁群 LG	P 值 P -value	遗传率 (%) r^2
粒宽SW	ICS3	1	3.43E-04	16.75	ICS27	1	5.10E-03	18.10	ICS455	7	0.006801	17.78
	ICS27	1	4.02E-04	16.45	ICS34	1	9.66E-03	46.42				
	ICS34	1	2.31E-08	42.20	ICS48	1	2.93E-05	23.42				
	ICS36	1	5.37E-03	11.32	ICS51	1	1.51E-03	36.67				
	ICS36	1	8.74E-03	11.32	ICS371	5	8.13E-03	19.50				
	ICS48	1	3.00E-05	21.29	ICS385	5	7.39E-04	18.75				
	ICS51	1	5.53E-06	33.34	ICS429	5	2.60E-04	32.96				

2.5 优异等位基因型的发掘

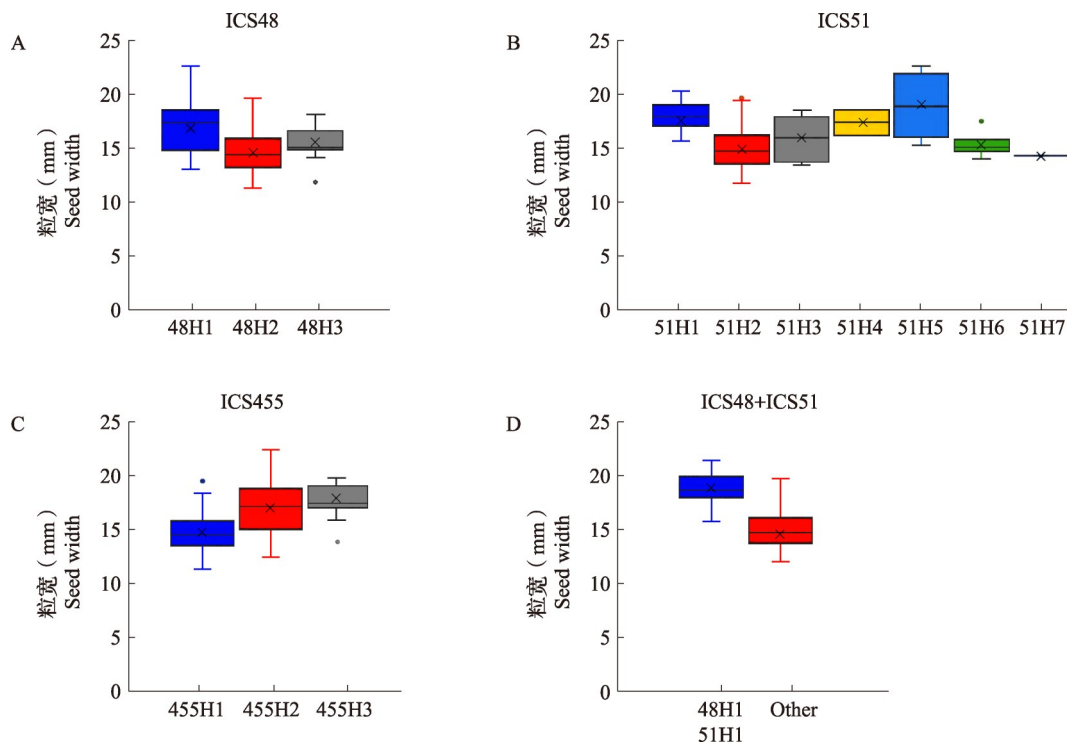
根据关联分析的结果,发现一些SSR关联标记具有较好的稳定性,这些标记不仅在不同年份和环境中可以重复检测到,有些还与多个性状相关联,比如标记ICS48、ICS51和ICS455多年多点都能检测到与粒宽和百粒重相关联($P<0.001$),而且这3个标记在2019年的表型数据中均检测到与粒长相关联。其中标记ICS48和ICS455可以扩增至3种基因型(图4A、C),ICS51可以扩增至7种基因型(图4B)。依据引物扩增至的基因型数目,将这些基因型分成不同的单倍型;例如ICS48扩增至3种基因型,分别命名为48H1、48H2和48H3。

根据群体内个体在这些标记处的基因型,结合不同基因型个体的粒宽和百粒重的表型数据,本研究还开展了优异等位基因型的分析,结果发现,48H1、51H1和455H3为优势等位基因型,即携带该种基因型的个体,在粒长、粒宽和百粒重上的表现,整体均值高于其他基因型($P<0.05$)(图4~6)。

此外,基于遗传图谱数据,标记ICS48和ICS51之间的遗传距离仅17.46 cM,两个标记之间存在较高的连锁关系,因此考虑将这两个标记合并分析,

结果显示,同时携带48H1和51H1基因型的蚕豆资源,其粒长、粒宽和百粒重均高于其他个体(图4D、图5D和图6D),相互间的差异更为显著($P<0.05$)。

携带48H1和51H1基因型的典型代表材料为来自重庆的9205,其粒宽约为18.11 mm,百粒重约为187.78 g(详见<https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20230519001>,附表2),该品种在标记ICS455处的基因型为455H2。含有455H1的典型品种是来自四川的品种9312,该品种的粒宽约为16.61 cm,百粒重约为140.45 g,该品种在标记ICS48和ICS51的基因型分别为48H2和51H5。而同时携带48H1、51H1和455H1的材料共有4个,分别是TC25优3-2、S9201、通鲜6号以及09076,这4个品种的粒宽分别为14.88、17.49、17.32和14.77 mm,百粒重分别为123.21、172.27、165.07和117.84 g,这4个品种的粒宽和百粒重低于90份材料的平均值(粒宽=14.98 mm,粒重=127.39 g;详见<https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20230519001>,附表2)。从上述结果可以看出,9205携带48H1、51H1和455H2基因型,该品种粒宽和粒重显著高于其他个体。而携带48H1、51H1和455H1的4个品种其粒宽和粒重低于90份

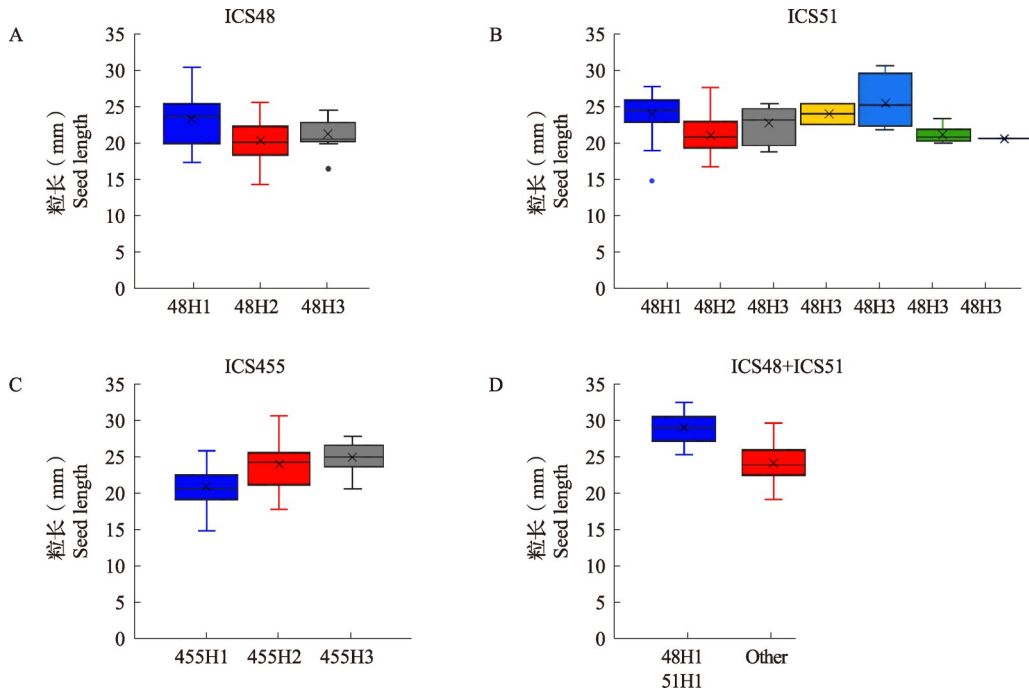


A: ICS48的3个基因型在粒宽上的表现; B: ICS51的7个基因型在粒宽上的表现; C: ICS455的3个基因型在粒宽上的表现; D: ICS48和ICS51联合基因型在粒宽上的表现

A: The performance of 3 genotypes of ICS48 in seed width; B: The performance of 7 genotypes of ICS51 in seed width; C: The performance of 3 genotypes of ICS455 in seed width; D: The performance of combined genotypes of ICS48 and ICS51 in seed width

图4 标记ICS48、ICS51和ICS455优势基因型在粒宽上的表现

Fig. 4 Performance of dominant genotypes in seed width at ICS48, ICS51 and ICS455

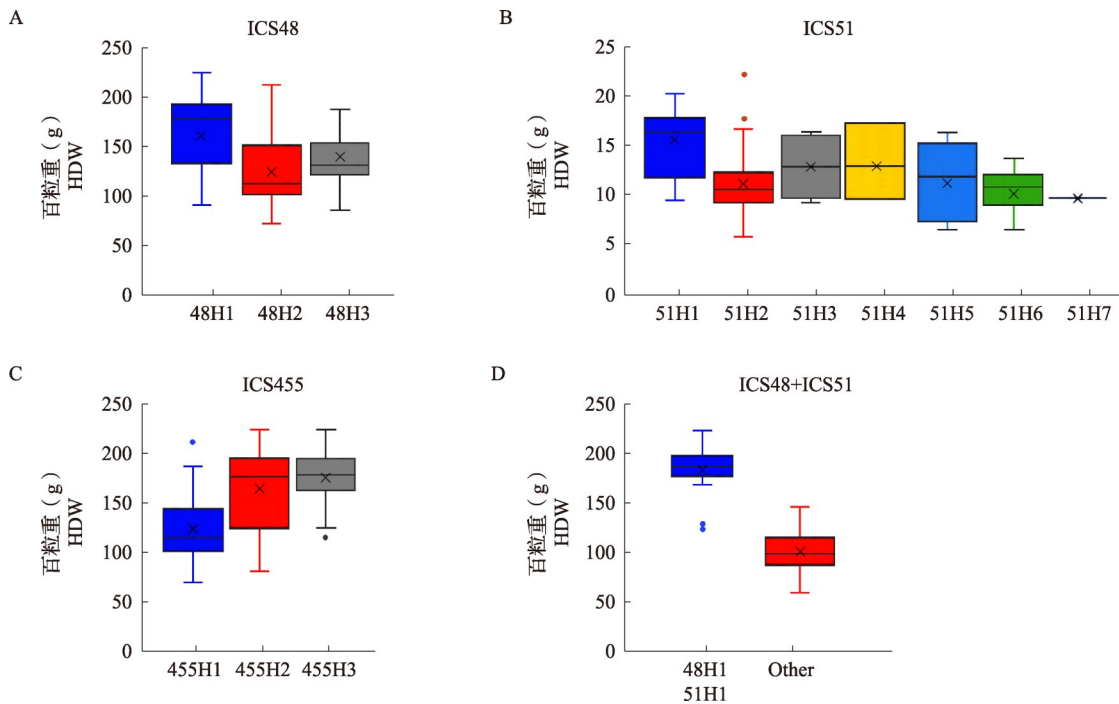


A: ICS48的3个基因型在粒长上的表现; B: ICS51的7个基因型在粒长上的表现; C: ICS455的3个基因型在粒长上的表现; D: ICS48和ICS51联合基因型在粒长上的表现

A: The performance of 3 genotypes of ICS48 in seed length; B: The performance of 7 genotypes of ICS51 in seed length; C: The performance of 3 genotypes of ICS455 in seed length; D: The performance of combined genotypes of ICS48 and ICS51 in seed length

图5 标记 ICS48、ICS51 和 ICS455 优势基因型在粒长上的表现

Fig. 5 Performance of dominant genotypes in seed length at ICS48, ICS51 and ICS455



A: ICS48的3个基因型在百粒重上的表现; B: ICS51的7个基因型在百粒重上的表现; C: ICS455的3个基因型在百粒重上的表现; D: ICS48和ICS51联合基因型在百粒重上的表现

A: The performance of 3 genotypes of ICS48 in HDW; B: The performance of 7 genotypes of ICS51 in HDW; C: The performance of 3 genotypes of ICS455 in HDW; D: The performance of combined genotypes of ICS48 and ICS51 in HDW

图6 标记 ICS48、ICS51 和 ICS455 优势基因型在百粒重上的表现

Fig. 6 Performance of dominant genotypes in hundred-seed weight at ICS48, ICS51 and ICS455

材料的平均值;该结果显示 455H2 对粒宽和粒重具有正效应,455H1 对粒宽和粒重具有负效应,455H1 与 455H2 这两种单倍型之间存在一定的拮抗效应,因此在分子辅助育种选择时,可以仅选择其中某一种优势基因型。

3 讨论

百粒重是蚕豆资源分类的重要指标,这是人类对蚕豆驯化的结果,本研究结合粒型性状数据与 SSR 分型对比发现:粒长、粒宽以及百粒重 3 个性状值较大的品种均出现在类群 A 中,而较小的均在类群 C 中(图 2),可见我国秋播区蚕豆粒型与资源聚类相关性高,尤其是大籽粒品种。秋播区蚕豆大部分被用于鲜食消费,粒型是鲜食蚕豆重要的消费品质之一,人们普遍偏爱大粒型蚕豆。因此对于秋播区蚕豆育种而言,大粒型是关键的育种目标。

对于自然群体的关联分析,寻找优势等位基因,是提高分子辅助育种的有效手段^[32],群体结构是影响关联分析结果的重要因素,过于复杂的群体结构会导致假阳性关联,因此简单的群体结构有助于获得可靠的关联结果^[12]。秋播区蚕豆资源是我国特异的蚕豆资源,具有适应春化和籽粒偏大的特征,体现出地理区域特异性,是适合开展 SSR 关联分析的自然群体。本研究基于 MLM 模型,对 90 份秋播区蚕豆自然群体进行了粒型性状的关联分析,结果共检测到 50 个与蚕豆粒长、粒宽和百粒重相关的分子标记($P < 0.001$, 表 1)。田间试验设置了 2019 年南京和 2020 年六合及南京 3 个试验点,并在 2019 年和 2020 年分别进行了数据统计,结果发现,大多数标记只能在特定的环境中被识别,这表明蚕豆对环境非常敏感。但是本研究仍然发现一些较为稳定的关联标记,这些标记在不同年份和环境中可以重复检测到。例如,标记 ICS48、ICS51 和 ICS455 在 2019 年和 2020 年环境下均检测到与粒宽和百粒重显著相关联($P < 0.0001$, $r^2 > 18\%$),而且这 3 个标记在 2019 年的表型数据分析中还与粒长相关联。对比此前研究,标记 ICS455 与前人报道的 HSW-2 位点均位于同一染色体^[33],但是由于缺少全基因组信息,因此这两个位点是否重合尚不可知,ICS455 是与蚕豆粒重和粒型相关的重要标记位点。而标记 ICS48 和 ICS51 遗传距离较近,因此本研究中将这两个标记视为同一位点。虽然与前人的研究相比,未发现重叠的 QTL 位点,但在 2022 年的一项研究中,在第 1 染色体上相似的位置,检测到 1 个与花长

度和子房长度的 QTL,该位点的 LOD 值为 4.36,贡献率为 14.8%^[34]。子房长度与粒长虽不是相同的性状,根据本研究结果和前人报道,子房长度与粒长以及粒重可能存在正相关的关系^[34]。本研究挖掘到 3 个与粒型相关的优势等位基因型:ICS48-H1、ICS51-H1 以及 ICS455-H3,基于优势等位基因型选出典型地方材料:重庆 9205、四川 9312、江苏 TC25 优 3-2、通鲜 6 号、9076 及重庆 S9201,为蚕豆品种选育提供参考。由于本研究使用的样本容量较小,分子标记数目有限,导致关联到的分子标记贡献率有限,后期仍需使用连锁图谱或扩大群体进行精细定位,相关结果将有助于分子标记辅助选择和分子设计育种。

参考文献

- [1] 王海飞, 关建平, 马钰, 孙雪莲, 宗绪晓. 中国蚕豆种质资源 ISSR 标记遗传多样性分析. 作物学报, 2011, 37(4): 595-602
Wang H F, Guan J P, Ma Y, Sun X L, Zong X X. Genetic diversity analysis of faba bean (*Vicia faba* L.) based on est-ssr markers. Acta Agronomica Sinica, 2011, 37(4): 595-602
- [2] Wang H F, Zong X X, Guan J P, Yang T, Sun X L, Ma Y, Redden R. Genetic diversity and relationship of global faba bean (*Vicia faba* L.) germplasm revealed by ISSR markers. Theoretical and Applied Genetics, 2012, 124(5): 789-797
- [3] Al-Khayri J M, Jain S M, Johnson D V. Advances in plant breeding strategies: Legumes. Cham: Springer, 2019: 522
- [4] 牛远, 徐宇, 李广军, 王云清, 刘晓芬, 李河南, 章元明. 大豆籽粒大小和粒形的驯化研究. 大豆科学, 2012, 31(4): 522-528
Niu Y, Xu Y, Li G J, Wang Y Q, Liu X F, Li H N, Zhang Y M. Domestication of seed size and shape traits in soybean. Soybean Science, 2012, 31(4): 522-528
- [5] Bogale G A, Maja M M, Gebreyohannes G H. Modelling the impacts of climate change on faba bean (*Vicia faba* L.) production in Welmera area, central Ethiopia. Heliyon, 2021, 7(10): e08176
- [6] Nguyen C X, Paddock K J, Zhang Z, Stacey M G. *GmKIX8-1* regulates organ size in soybean and is the causative gene for the major seed weight QTL qSw17-1. The New Phytologist, 2021, 229(2): 920-934
- [7] Hu D, Li X, Yang Z, Liu S, Hao D, Chao M, Zhang J, Yang H, Su X, Jiang M, Lu S, Zhang D, Wang L, Kan G, Wang H, Cheng H, Wang J, Huang F, Tian Z, Yu D Y. Downregulation of a gibberellin 3 β -hydroxylase enhances photosynthesis and increases seed yield in soybean. The New Phytologist, 2022, 235(2): 502-517
- [8] Gupta P K, Kulwal P L, Jaiswal V. Association mapping in plants in the post-GWAS genomics era. Advances in Genetics, 2019, 104: 75-154

- [9] Mackay T F, Stone E A, Ayroles J F. The genetics of quantitative traits: Challenges and prospects. *Nature Reviews Genetics*, 2009, 10(8):565-577
- [10] Yi Q, Liu Y, Hou X, Zhang X, Zhang J, Liu H, Hu Y, Yu G, Li Y, Wang Y, Huang Y. Quantitative trait loci mapping for yield-related traits under low and high planting densities in maize (*Zea mays* L.). *Plant Breeding*, 2020, 139 (2) : 227-240
- [11] Khan M K, Chen H, Zhou Z, Ilyas M K, Wang X, Cai X, Wang C, Liu F, Wang K. Genome wide SSR high density genetic map construction from an interspecific cross of *Gossypium hirsutum* × *Gossypium tomentosum*. *Frontiers in Plant Science*, 2016, 7: 436
- [12] Liu J Y, Zhang Y W, Han X, Zuo J F, Zhang Z, Shang H, Song Q, Zhang Y M. An evolutionary population structure model reveals pleiotropic effects of *GmPDAT* for traits related to seed size and oil content in soybean. *Journal of Experimental Botany*, 2020, 71(22):6988-7002
- [13] Kaur S, Kimber R B, Cogan N O, Materne M, Forster J W, Paull J G. SNP discovery and high-density genetic mapping in faba bean (*Vicia faba* L.) permits identification of QTLs for ascochyta blight resistance. *Plant Science*, 2014, 217-218: 47-55
- [14] Jayakodi M, Golicz A A, Kreplak J, Fechete L I, Angra D, Bednár P, Bornhofen E, Zhang H, Boussageon R, Kaur S, Cheung K, Čížková J, Gundlach H, Hallab A, Imbert B, Keeble-Gagnère G, Koblížková A, Koblřová L, Krejčí P, Mouritzen T W, Andersen S U. The giant diploid faba genome unlocks variation in a global protein crop. *Nature*, 2023, 615 (7953):652-659
- [15] Zhang Y M, Mao Y, Xie C, Smith H, Luo L, Xu S. Mapping quantitative trait loci using naturally occurring genetic variance among commercial inbred lines of maize (*Zea mays* L.). *Genetics*, 2005, 169(4):2267-2275
- [16] Zhang Z, Ersoz E, Lai C Q, Todhunter R J, Tiwari H K, Gore M A, Bradbury P J, Yu J, Arnett D K, Ordovas J M, Buckler E S. Mixed linear model approach adapted for genome-wide association studies. *Nature Genetics*, 2010, 42 (4) : 355-360
- [17] Li M, Zhang Y W, Zhang Z C, Xiang Y, Liu M H, Zhou Y H, Zuo J F, Zhang H Q, Chen Y, Zhang Y M. A compressed variance component mixed model for detecting QTNs and QTN-by-environment and QTN-by-QTN interactions in genome-wide association studies. *Molecular Plant*, 2022, 15 (4), 630-650
- [18] 孟亚雄, 孟祎林, 汪军成, 司二静, 张海娟, 任盼荣, 马小乐, 李葆春, 杨轲, 王化俊. 青稞遗传多样性及其农艺性状与 SSR 标记的关联分析. *作物学报*, 2016, 42(2): 180-189
- Meng Y X, Meng Y L, Wang J C, Si E J, Zhang H J, Ren P R, Ma X L, Li B C, Yang K, Wang H J. Genetic diversity and association analysis of agronomic characteristics with SSR markers in hullless barley. *Acta Agronomica Sinica*, 2016, 42 (2): 180-189
- [19] 李晓瑜, 方小梅, 伍浩天, 王莹倩, 刘洋, 唐恬, 王于栋, 吴银环, 岳林清, 张瑞丰, 崔静斌, 张建, 易泽林. 苦荞种质资源主要农艺性状 SSR 标记关联分析. *作物学报*, 2022, 48 (12):3091-3107
- Li X Y, Fang X M, Wu H T, Wang Y Q, Liu Y, Tang T, Wang Y D, Wu Y H, Yue L Q, Zhang R F, Cui J B, Zhang J, Yi Z L. Association analysis of agronomic traits of tartary buckwheat germplasm resources with SSR markers. *Acta Agronomica Sinica*, 2022, 8(12):3091-3107
- [20] 李金龙, 范昱, 赵梦雨, 康珍, 杨克理, 张凯旋, 周美亮. 基于表型性状和 SSR 分子标记构建甜荞初级核心种质. *植物遗传资源学报*, 2021, 22(5):1240-1247
- Li J L, Fan Y, Zhao M Y, Kang Z, Yang K L, Zhang K X, Zhou M L. Construction of primary core collection of buckwheat germplasm resources based on phenotypic traits and SSR. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2021, 22(5) : 1240-1247
- [21] 王胜军, 万建民, 陆作楣. 利用 SSR 分子标记划分杂交籼稻亲本群的研究. *作物学报*, 2006, 32(10):1437-1443
- Wang S J, Wan J M, Lu Z M. Parental cluster analysis in Indica hybrid rice (*Oryza sativa* L.) by SSR analysis. *Acta Agronomica Sinica*, 2006, 32(10):1437-1443
- [22] 文自翔, 赵团结, 郑永战, 刘顺湖, 王春娥, 王芳, 盖钧镒. 中国栽培和野生大豆农艺品质性状与 SSR 标记的关联分析 I. 群体结构及关联标记. *作物学报*, 2008, 34(7):1169-1178
- Wen Z X, Zhao T J, Zheng Y Z, Liu S H, Wang C E, Wang F, Gai J Y. Association analysis of agronomic and quality traits with SSR markers in *Glycine max* and *Glycine soja* in China: I. Population structure and associated markers. *Acta Agronomica Sinica*, 2008, 34(7):1169-1178
- [23] 赵波, 叶剑, 金文林, 曾潮武, 吴宝美, 濮绍京, 潘金豹, 万平. 不同类型小豆种质 SSR 标记遗传多样性及性状关联分析. *中国农业科学*, 2011, 44(4):673-682
- Zhao B, Ye J, Jin W L, Zeng C W, Wu B M, Pu S J, Pan J B, Wan P. Analysis on genetic diversity and trait association of different types of azuki bean (*Vigna angularis*) by SSR markers. *Agricultural Sciences in China*, 2011, 44(4):673-682
- [24] 潘磊, 李依, 余晓露, 郭瑞, 陈禅友. 豇豆产量性状与 SSR 分子标记的关联分析. *湖北农业科学*, 2015, 54(16) : 3952-3962
- Pan L, Li Y, Yu X L, Guo R, Chen C Y. Association analysis between yield trait in cowpea and SSR molecular markers. *Hubei Agricultural Sciences*, 2015, 54(16):3952-3962
- [25] 刘玉玲, 张红岩, 韩雪梅, 周仙莉, 侯万伟. 蚕豆农艺性状的 SSR 标记关联分析. *西南农业学报*, 2022, 35(3):503-516
- Liu Y L, Zhang H Y, Han X M, Zhou X L, Hou W W. Association analysis of agronomic traits in faba bean (*Vicia faba* L.) using SSR markers. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2022, 35(3):503-516
- [26] Yang T, Bao S Y, Ford R, Jia T J, Guan J P, He Y H, Sun X L, Jiang J Y, Hao J J, Zhang X Y, Zong X X. High-

- throughput novel microsatellite marker of faba bean via next generation sequencing. *BMC Genomics*, 2012, 13:602
- [27] 陈昆松, 李方, 徐昌杰, 张上隆, 傅承新. 改良CTAB法用于多年生植物组织基因组DNA的大量提取. *遗传*, 2004, 26(4): 529-531
- Chen K S, Li F, Xu C J, Zhang S L, Fu C X. An efficient macro-method of genomic DNA isolation from *Actinidia chinensis* leaves. *Hereditas*, 2004, 26(4):529-531
- [28] Yang T, Jiang J, Zhang H, Liu R, Zong X. Density enhancement of a faba bean genetic linkage map (*Vicia faba*) based on simple sequence repeats markers. *Plant Breeding*, 2009, 138(11): 207-215
- [29] Bradbury P J, Zhang Z, Kroon D E, Casstevens T M, Ramdoss Y, Buckler E S. TASSEL: Software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 2007, 23(19): 2633-2635
- [30] 严少杰. 菜心重要农艺性状与SSR分子标记的关联分析. *中国果菜*, 2021, 41(2):34-43,60
- Yan S J. Association analysis of agronomic traits with SSR molecular markers in *Brassica campestris* L. *China Fruit & Vegetable*, 2021, 41(2):34-43,60
- [31] 朱素青, 张秀荣, 张昆, 孙庆芳, 万勇善, 刘凤珍. 花生叶片SPAD值与SSR分子标记的关联分析. *分子植物育种*, 2018, 16(9):2877-2885
- Zhu S Q, Zhang X R, Zhang K, Sun Q F, Wan Y S, Liu F Z. Association analysis of leaf SPAD value and SSR markers in peanut. *Molecular Plant Breeding*, 2018, 16(9):2877-2885
- [32] 王荣焕, 王天宇, 黎裕. 关联分析在作物种质资源分子评价中的应用. *植物遗传资源学报*, 2007, 8(3):366-372
- Wang R H, Wang T Y, Li Y. Application of association analysis in molecular evaluation of crop germplasm resources. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2007, 8(3):366-372
- [33] Khazaei H, O'Sullivan D M, Stoddard F L, Adhikari K N, Paull J G, Schulman A H, Andersen S U, Vandenberg A. Recent advances in faba bean genetic and genomic tools for crop improvement. *Legume Science*, 2021, 3(3):e75
- [34] Aguilar-Benitez D, Casimiro-Soriguer I, Ferrandiz C, Torres A M. Study and QTL mapping of reproductive and morphological traits implicated in the autofertility of faba bean. *BMC Plant Biology*, 2022, 22(1):175

欢迎订阅2024年《大麦与谷类科学》

《大麦与谷类科学》创刊于1984年,由江苏省农业科学院主管、江苏沿海地区农业科学研究所主办,属中国作物学会大麦专业委员会与江苏省农学会学术性期刊,内容具有创新性、应用性、系统性、导向性。40年来,期刊主要报道大麦、小麦、水稻、玉米、高粱、谷子、燕麦等谷类作物的研究动态和科研成果,内设栏目有:专论与综述、生理与生态、育种与栽培、土肥与植保、资源与环境、贮藏与加工、种质与品种、现代大农业、简讯与信息、人物介绍等。主要作者与读者为从事农业科研与农技推广的科技人员、农业企业经营管理及农业大中专院校师生等。

《大麦与谷类科学》是《中国期刊全文数据库》《中文科技期刊数据库》《中国核心期刊(遴选)数据库》全文收录期刊、超星域出版期刊等平台全文收录期刊、《中国学术期刊综合评价数据库》统计源期刊、国家科技学术期刊开放平台全文收录期刊、原国家新闻出版广电总局首次认定A类学术期刊。江苏省一级期刊、2017年度江苏省精品科技期刊。根据2022年10月9日中国知网、中国科学文献计量评价研究中心统计报告:《大麦与谷类科学》复合影响因子0.930,综合影响因子0.616;又据2022版中国科技期刊引证报告(扩展版),《大麦与谷类科学》影响因子为0.948。

期刊为双月刊,大16开本。国内外公开发售,中国标准连续出版物号:CN 32-1769/S,ISSN 1673-6486。国内每期定价15.00元,全年6期共90元,自办发行。

欢迎订阅,欢迎赐稿。可随时直接与本编辑部联系。

电话:0515-88330625;

电子信箱:damkx@163.com

微信公众号:大麦与谷类科学

银行汇款:江苏沿海地区农业科学研究所

账号:10-400901040004637

网址:<http://damkx.cbpt.cnki.net>

邮编:224002

地址:江苏省盐城市开放大道北路9号

开户行:盐城市农行建中支行

用途:订阅费或编审费

附表 1 本研究所用 SSR 引物序列

Supplemental Table 1 SSR primer sequences used in this study

标记 Marker	连锁群 Linkage	正向引物序列(5'-3') Forward primers sequence (5'-3')	反向引物序列(5'-3') Reverse primers sequence (5'-3')
ICS1	LG1	CCACCACCACACTCCTTCTT	CGGGAAGTTGAGCAGAGAGA
ICS8	LG1	GGTTGAGGGTGCACGATACT	TTGGGGGTGTATGGTTGTT
ICS13	LG1	CATCCCAACAATATAACCGGC	GGCATGGGTGGATATTGAAC
ICS15	LG1	GACGGTGTGGAAGACCAAGT	TGCTGGTGGTGGTTTGTCTA
ICS24	LG1	CTCGTCGAGAGAGCCTCCTA	CTCTGCTTTTCCCGATGAAG
ICS36	LG1	CGTTGAACGCTCAATTCTCA	AGGAAGTGGTGGTGGAGATG
ICS43	LG1	GCAGTGATTCTGGCAGTGAA	TGCAGCAACATTTCCATCAT
ICS48	LG1	AAATATGGGTGGCGACTTG	GAATTGACCATTGACTCTCTTCA
ICS51	LG1	GCACCGTGCTAAGATGATGA	GGGCCCACTCATTTTTGTTA
ICS54	LG1	AGTTGGTGGAGTGGGTCTG	AGGATTGCTGACGTGTAGGG
ICS66	LG1	TGATTGCATGGGAATTGAGA	TGCTGCCTACGTAATTAACAACA
ICS73	LG1	CCTTAACTCTCTGCTGTCTGA	TTGAGGTGCACAAAATCATTG
ICS78	LG1	CCCAACCCTACTGCCAATTA	CAAAACCACCCTGCTGAAAC
ICS83	LG1	GCGAAGCAGATTCTGACAAA	GCAGCAGCAGCTTCCATATAC
ICS99	LG1	GCCAAAAGGACGAAAATGAA	TGAGGCAACTTCTTGTGTGC
ICS111	LG1	AACGGTGAGAAATTAAGAGGAGA	CAACAACCGATGACCGTAGA
ICS115	LG1	ATGAGACCAGCCATGTCTCT	ATAGGGAGGGGAACCAAGAA
ICS125	LG1	GAGAGAGGTGAAGAAAGTGGTGA	CGCCTTCCATGCTTACAAT
ICS134	LG1	CAGCCTTCACTCTTTCAGATCA	ATGTCCGACGCAAAGAAAAC
ICS135	LG1	ATGTCCGACGCAAAGAAAAC	CATCGAATACATTGACCTTCA
ICS144	LG2	CCACATTTGAATCAACACCAC	AGCGCATGTGTTCACTTGTT
ICS154	LG2	AGCAATTCACCCACAATCCT	TAACGGCCTCCAAAAACTTG
ICS155	LG2	TCCATGGGATCTTCAACAACA	TCGAAGTCCCTTCATCATCA
ICS161	LG2	GCGTTATTAGCCGCTGTAA	AAAACCGTGGCTCGAATATTTA
ICS179	LG2	CCATGCATGTGAAGAACATTG	ACGCTTCCTCCATCACAAC
ICS185	LG2	TCAAGCATTGGGTGGTCATA	GCCGGAAACTGAAAAGTTGA
ICS189	LG2	CATGCAGTGTGTTTTGGAGAA	ATCTGCTCCGCCACACTTAG
ICS194	LG2	AAGCACGGTTCCAAAACTG	GTGTAAGCGCAAAGCTACCA
ICS203	LG2	TATTCGGAATCGAGTTGGG	CCTCTCGCTTTTCTTCATCC
ICS207	LG3	AAACCACTCACCTTTTACC	TCAGCACACACAACAACAAAA
ICS214	LG3	AATCACAATAATTTGAACGTGGA	AAAAAGCGGATTTGGAGTGA
ICS218	LG3	TGCAGCAGTAGAACAACAACAA	CAACCATCAGAAAATGAGAGCA
ICS235	LG3	CCGAGTCCCTCTACTACTCA	AGAAACCGCCATTGATGAAC
ICS236	LG3	AACCTTTAAGACCCGGGAGA	TGGCTGAGAGAAAAGTTGACC
ICS246	LG3	TGCGGTGATGGTTAATGATG	AATTCTGTAGAAGAAACACACAAGA
ICS255	LG4	GGGAAAATAGCAGCCCCATA	GCACGGGTAGTTGTTTCACA
ICS261	LG4	TCCTCCAGGTCCAAAAACAC	AACCCGATCCGTTTCATCT
ICS276	LG4	CATGCAATTCTGTGAGCGAT	CGAGGACGATAGTTGAACCAG
ICS280	LG4	AACTGGCTAGCCCTGTGAA	CGCTTGGTGTGTCTGTCTA
ICS283	LG4	TTTAGTGCGATCGGTCAAATC	CAGAATGGGACTTTCCAACAA

ICS299	LG4	ATTCTGCGCAGGTGTAGGTT	AGACTGCAGCGGATTTCAGAT
ICS300	LG4	TGATCCCCTCAAACCTCATGTT	CCAATTGGCTTCCACCTAGA
ICS304	LG4	TGAAGGCTGCAAGGCTTAT	ATTCCCCACGTGTCCACTA
ICS306	LG4	CAACCCCAATTTTCCCTTTC	GGAGGTGGTTGTTTCAGAGGA
ICS311	LG4	AATGCTTTTGGCCTGAGAGA	CAATTGTTTGTAAAGCAAGAACGTAA
ICS317	LG4	CACCTCCACCCCGTACTCTA	AAACAAGGTGCTTCCACCAG
ICS323	LG4	CTCAACATCCACGACACACA	CAACGCTGCAAGAAAACCAT
ICS334	LG4	GGTGTGTTGTTGTGGTGGT	AGCTTTGGCCATCCAATTTT
ICS355	LG4	AGGGACCAGATCGGAAGAAT	TCCCTCTTCCGCTAATTCAA
ICS356	LG4	CATGGAACTCGAAGCCGTAT	AAAGTTCCGTGGGTCAAGTG
ICS362	LG5	TCTTACCCCTTCTCTCAA	GGGCACGGAAGTATCTGAAG
ICS371	LG5	TGCTCTCAAGTACCGCAAAT	CCGGTTCCTTCATTTCTTCA
ICS375	LG5	AATTGCAAACTCCCTCCAA	GAGAACAGAAGAGTTGGCCG
ICS385	LG5	GGTGCTGCATCTCTGGAGT	CATCAAGCTAGCATCGTTGTAAA
ICS389	LG5	CGCATGTTGGAGTTATTGA	GACCCTACCTCTTGAGAAGAAA
ICS402	LG5	TTCGCACGATGACTTGTTC	CGAGTTTCCGATTTCGCTCTA
ICS410	LG5	ACTCGGACACGTTGAGTGTG	TACCATTGGGGAAACCAAAC
ICS413	LG5	TGGAGTGAGAGAAGCGATGA	TGTGAGCGGTACATACTGG
ICS425	LG5	CGCTTACGCTTCTTGACCTT	TGCAGCCTTCAAATCCTCTT
ICS429	LG5	GACGTGTCTTGACAGGTGGA	TCACAGGCGCCTTAGAAATC
ICS434	LG6	AGAAGGGGGTTCATTCACT	GCGGTTAAAGTTTGGTTCTTG
ICS442	LG6	CGTTGGAATCCCGTAAACAT	AAAAATGCTGGACAAAACACA
ICS444	LG6	CGCCCCCTCTCACTTTAAT	TCACCCCGTTTAGGTCCATA
ICS449	LG7	TGAAAGAATGGGGAACTTG	GCCAAAAGAAGCCTTGGTAG
ICS451	LG7	GTCGTTGGCTTCCACGTATT	GGAAC TACCCGAGGAAGAG
ICS455	LG7	ATGAAGACATTGCCGGTTTC	AGATTTTGGGGCATTGACAG
ICS461	LG7	GCGAGGGCGTTATAGAGAGA	AAGGTGAATGGGGGTGTAAA

附表 2 90 份蚕豆种质资源蚕豆粒型性状

Supplemental Table 2 Seed size-related traits of 90 faba beans germplasm resources

编号 ID	2019 南京 2019nanjing			2020 六合 2020 Liuhe			2020 南京 2020 Nanjing			种质名称 Name	来源 Source
	粒宽 (mm)	粒长 (mm)	百粒重 (g)	粒宽 (mm)	粒长 (mm)	百粒重 (g)	粒宽 (mm)	粒长 (mm)	百粒重 (g)		
	SW	SL	HSW	SW	SL	HSW	SW	SL	HSW		
Vf002	17.41	24.87	186.86	12.03	16.49	59.83	15.24	20.48	122.95	TC25 优 3-2	江苏
Vf004	18.72	24.73	199	NA	NA	NA	16.7	22.84	169.75	苏鲜 4 号	江苏
Vf010	17.33	23.05	187.99	NA	NA	NA	17.03	23.22	176.86	e13306	重庆
Vf012	17.51	24.89	188.41	15.2	20.02	106.12	16.99	23.23	156.03	c089	四川
Vf022	19.32	27.98	201.5	NA	NA	NA	17.86	24.56	179.33	苏 3101	江苏
Vf024	17.89	25.54	188.05	NA	NA	NA	17.09	23.52	156.5	S9201	重庆
Vf026	19.74	27.68	224.25	NA	NA	NA	16.49	23.31	151.33	9205	重庆
Vf028	18.93	25.59	188.66	NA	NA	NA	18.11	24.75	203.32	S9205	重庆
Vf030	16.43	22.53	157.9	13.73	19.24	99.59	12.43	17.4	94.05	c09033	重庆
Vf032	18.47	25.69	194.66	NA	NA	NA	17.34	24.34	173.56	c09174	贵州
Vf040	16.96	23.69	179.98	17.1	23.57	138.73	14.2	20.42	129.76	苏蚕 2 号	江苏
Vf042	19.57	25.72	213.09	14.82	20.74	96.32	15.47	21.09	111.97	9312	四川
Vf044	20.17	28.18	220.97	NA	NA	NA	16.82	23.96	149.18	9308	四川
Vf046	17.29	23.82	176.72	NA	NA	NA	17.78	24.42	165.01	SC095	四川
Vf048	17.69	24.39	187.81	NA	NA	NA	15.69	22.5	145.02	繁 27	江苏
Vf050	17.38	23.63	178.78	14.08	18.2	71.23	16.34	22.09	131.06	凡 18	江苏
Vf056	19.59	26.6	221.15	15.7	22.49	147.18	24.47	167.46	56	11-209	江苏
Vf060	22.63	30.62	222.84	14.4	19.99	98.6	26.57	199.76	60	9206	江苏
Vf062	19.89	27.45	216.48	14.24	19.23	101.93	19.09	26.5	174.56	33664	江苏
Vf064	18.99	26.06	198.31	NA	NA	NA	17.93	25.23	184.73	9207	江苏
Vf066	18.09	24.74	187.76	NA	NA	NA	17.21	23.79	161.26	凡 18	江苏
Vf068	17.38	24.46	191.46	17.06	21.66	142.52	15.58	21.25	149.1	繁 18	江苏
Vf072	18.37	25.29	183.67	17.78	23.83	155.26	16.33	23.05	163.39	繁 15	江苏
Vf076	11.14	14.67	69.47	NA	NA	NA	12.31	16.74	94.18	11-115	云南
Vf078	13.14	19	108.84	11.27	16.38	79.07	12.1	17.68	104.02	11-201	云南
Vf084	15.05	21.86	128.85	NA	NA	NA	14.3	20.84	125.44	C033	四川
Vf088	17.81	23.78	170.9	NA	NA	NA	16.87	22.71	159.24	通鲜 6 号	江苏
Vf094	13.75	20.33	114.87	15.7	20.52	114.59	14.13	20.02	115.49	成 2003	四川
Vf096	15.1	20.86	126.84	NA	NA	NA	16.26	22.04	155.84	苏蚕 3 号	江苏
Vf098	15.82	21.91	156.73	NA	NA	NA	18.03	25.65	223.72	云 1826	云南
Vf100	13.09	18.17	91.45	12.51	17.38	88.84	17.55	23.09	60.87	苏蚕 1 号	江苏
Vf102	14.61	20.99	118.01	10.16	14.21	37.98	12.95	17.33	91.4	海门大青皮	江苏
Vf104	14.04	20.86	117.54	NA	NA	NA	12.22	17.53	101.8	凤 08119	贵州
Vf106	13.55	18.71	111.45	13.75	18.32	106.26	16.88	22.95	165.54	凤 01005	贵州
Vf110	16.75	23.2	146.41	NA	NA	NA	14.28	19.92	120.28	云 4466-1	云南
Vf112	17.5	24.28	172.51	16.68	22.41	137.59	14.47	20.69	128.02	11-235	江苏
Vf114	16.52	23.5	161.04	13.43	18.8	83.56	13.78	19.05	103.49	11-209	江苏
Vf116	11.66	17.09	86.99	11.77	17.59	92.98	11.41	16.78	81.39	11-223	云南
Vf120	12.39	18.31	90.6	NA	NA	NA	10.62	14.55	76.8	11-216	云南
Vf122	13.07	18.84	105.3	NA	NA	NA	13.27	18.68	121.38	11-213	江苏
Vf124	15.76	22.26	135.29	15.17	20.68	128.1	13.1	17.88	94.58	11-227	江苏
Vf126	12.91	17.94	101.56	NA	NA	NA	10.96	15.07	73.49	11-110	云南
Vf128	13.49	18.96	106.9	NA	NA	NA	13.04	18.6	103.52	11-136	四川
Vf130	12.48	17.4	81.31	11.75	16.49	76.58	12.24	17.6	86.83	11-126	四川
Vf132	14.69	20.63	125.43	12.97	18.3	89.22	13.95	18.77	107.45	11-234	重庆
Vf136	16.05	22.67	151.2	15.29	20.62	126.05	13.5	18.67	95.38	11-137	安徽
Vf142	11.71	16.8	83.39	12.34	17.61	103.59	12.01	16.75	83.54	11-210	四川
Vf144	14.77	21.33	125.25	15.15	21.39	122.03	14.02	19.66	109.26	CD12108	四川
Vf148	14.47	20.12	116.33	13.12	19.29	106.83	10.89	15.69	82.91	11-132	江苏
Vf150	12.71	17.12	80.33	12.22	16.97	72.17	13.36	17.8	94.29	11-242	重庆
Vf154	14.5	20.61	124.4	14.36	19.72	100.73	13.09	20.03	115.47	C09084	江苏
Vf156	15.93	23.21	125.51	NA	NA	NA	14.69	20.56	108.26	C076	江苏
Vf158	13.13	21.06	111.02	13.12	20.49	111.75	13.18	19.92	102.73	C046	江苏
Vf160	18.44	25.79	192.28	NA	NA	NA	17.36	24.64	177.86	苏 3010	江苏
Vf164	14.34	20.69	116.49	11.91	16.27	72.58	13.64	19.05	103.15	11-240	江苏
Vf168	12.27	17.76	80.37	13.37	18.34	97.53	12.76	17.75	97.32	苏 3021	江苏
Vf172	14.98	21.1	128.89	15.43	21.1	131.71	15.12	21.43	110.68	C109	四川
Vf176	14.75	20.2	114.16	11.9	16.79	47.72	13.92	18.96	101.71	C050	湖北
Vf178	16.97	22.88	152.78	11.45	14.53	28.9	14	17.81	108.2	C062	湖北
Vf180	18	26.56	182.61	17.73	24.34	170.74	16.68	22.59	149.81	B410	湖北
Vf186	13.95	19.39	111.11	13.22	17.71	173.16	16.06	22.42	150.51	C088	四川
Vf188	15.86	22.64	150.66	16.79	22.78	152.05	12.48	17.45	103.58	C105	重庆
Vf190	13.9	20.69	115.8	13.85	19.31	115.82	13.41	19.99	116.16	C042	重庆

Vf192	15.98	23.3	152.37	NA	NA	NA	15.13	21.86	145.8	C091	江苏
Vf194	14.92	21.5	129.58	NA	NA	NA	14.72	20.79	122.63	C016	四川
Vf196	13.14	18.9	91.5	13.58	19.16	101.21	12.75	17.59	101.68	C079	四川
Vf198	16.77	24.08	133.64	16.16	21.2	113.47	14.71	20.68	122.57	C094	江苏
Vf200	15.07	23.1	146.35	15	22.76	142.91	16.21	22.75	147.9	C077	湖北
Vf202	13.43	19.89	107.47	14.32	20.23	66.47	13.49	19.21	100.45	9061	湖北
Vf206	12.25	17.41	86.44	NA	NA	NA	10.57	15.59	64.13	C09146	四川
Vf208	15.4	22.4	135.23	11.47	15.86	50.38	11.3	16.18	88.5	9176	贵州
Vf210	15.48	22.56	141.32	NA	NA	NA	14.38	20.72	118.65	9063	贵州
Vf212	17.02	25.84	166.51	NA	NA	NA	17.3	25.86	179.41	9640	贵州
Vf214	14	20.61	102.64	NA	NA	NA	14.4	20.31	120.33	9013	四川
Vf220	14.42	21.73	118.38	15.19	21	115.87	15.11	21.57	126.92	09075-1	江苏
Vf222	13.66	19.85	103.15	13.22	17.71	124.49	14.11	20.35	113.28	C083	江苏
Vf224	15.29	20.89	121.81	13.37	17.8	86.43	12.44	17.61	106.14	9088	江苏
Vf226	14.46	20.39	121.06	14.08	19.59	122.77	13.8	19.44	113.32	9145	湖北
Vf228	13.43	19.28	103.7	NA	NA	NA	14.77	20.51	125.41	9025	四川
Vf230	14.72	22.83	124.26	15.98	21.35	146.37	15.29	21.02	133.53	9109	四川
Vf232	14.87	20.99	131.32	NA	NA	NA	13.49	19.58	107.27	9034	重庆
Vf234	14.23	18.82	151.17	14.13	19.11	45.6	12.68	16.71	92.21	9110	重庆
Vf236	14.52	20.9	109.88	13.34	18.77	102.59	14.2	20.16	108.51	9005	重庆
Vf238	13.42	19.95	98.7	13.62	19.23	102.5	13.12	18.92	93.14	9080	四川
Vf240	15.43	21.98	129.87	NA	NA	NA	14.12	20.14	105.81	9076	江苏
Vf242	14.94	20.54	121.34	14.36	19.74	96.1	14.45	20.62	118.15	9128	安徽
Vf244	12.92	17.55	88.93	13.97	18.26	109.33	13.38	18.02	95.33	9021	四川
Vf246	13.77	20.23	107.23	NA	NA	NA	11.07	15.46	64.04	9105	江苏
Vf248	15.78	21.99	160.24	15.71	20.86	138.4	11.08	16.05	88.68	9004	贵州
Vf250	14.79	20.25	126.8	16.37	22.91	155.05	11.36	16.22	88.92	9051	江苏

SL, SW, 和 HSW 分别表示粒长, 粒宽和 百粒重

SL, SW and HSW represent seed length, seed width and 100-seed dry weight, respectively