

作物遗传育种·种质资源·分子遗传学

世界栽培豌豆(*Pisum sativum* L.)资源群体结构与遗传多样性分析

宗绪晓, 关建平, 王海飞, 马钰

(中国农业科学院作物科学研究所/国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程)

收稿日期 2009-6-2 修回日期 2009-8-24 网络版发布日期 2010-1-15 接受日期 2010-1-25

摘要

【目的】评价国家种质库长期保存的国内、外栽培豌豆(*Pisum sativum* L.)资源的遗传多样性水平,揭示其遗传多样性、等位基因和群体结构差异,据此评估其重要程度及价值,为中国豌豆资源研究策略和方向的正确选择、国内外资源的充分发掘利用和深入研究提供理论依据。**【方法】**利用21对豌豆多态性SSR引物,对来自国外五大洲66个国家和中国28个省(区、市)的1 984份栽培豌豆进行SSR标记遗传多样性和群体结构分析;采用Structure 2.2软件完成资源群体结构剖析、推断参试材料的合理组群数、确定每份参试材料的适当群体划入及其相关参数计算;利用NTSYSpc2.2d软件估算其遗传距离,进行主成分分析(PCA)并绘制三维空间聚类图;采用Popgene V1.32估算种质群的等位位点分布等参数,利用Fstat V2.9.3.2进行种质群间遗传多样性差异显著性测验。**【结果】**通过对国、内外栽培豌豆资源群间SSR等位基因数(NA)、有效等位基因数(NE)、有效等位基因所占比重(NE/NA)、等位基因丰度(AR)、基因多样性指数(GD)、Shannon's信息指数(I)的比较,发现除等位基因数(NA)外,国内资源的其它5个遗传多样性指标全面高于国外资源。在21个SSR基因位点中,国内、外资源群在7个位点间存在等位基因种类的差异。群体结构分析将1 984份世界栽培豌豆资源划分成三大组群。组群A包含96.49%的国外栽培豌豆参试资源,可代表典型的国外栽培豌豆资源类型;组群B的资源88.18%来源于陕西和内蒙古,可代表中国典型的春播区栽培豌豆资源类型;组群C的资源52.05%源于中国秋播区,47.44%源于中国春播区,可代表中国秋播区和除陕西、内蒙古外的春播区栽培豌豆资源类型。组群间遗传多样性差异达到显著水平。PCA作图分析也明确显示世界栽培豌豆资源群体中存在3个边界明显的资源富集区(基因库I、II、III),且与三大组群的群体结构分析结果精确对应。**【结论】**国内资源的遗传多样性程度整体上超过国外资源,国外资源群体内个体间的差异程度平均高于国内资源。群体结构分析检测到世界栽培豌豆资源中存在A、B、C共三大资源类群,类群间的遗传多样性差异达到了显著水平,且与PCA做图分析显示的3个边界明显的基因库间存在着精确对等关系:“类群A”几乎等同于“基因库I”,“类群B”几乎等同于“基因库II”,而“类群C”几乎等同于“基因库III”;基因库I由国外资源富集而成,基因库II由中国陕西和内蒙古资源富集而成,基因库III由中国秋播区资源和陕西、内蒙古以外的春播区资源富集而成,由此得出世界栽培豌豆由3个基因库构成的结论。国外栽培豌豆种质资源构成了“基因库I”,国内栽培豌豆种质资源构成了“基因库II”和“基因库III”,表明国内、外资源均很重要,但国内资源甚于国外。

关键词 [豌豆\(*Pisum sativum* L.\)](#) [种质资源](#) [SSR](#) [遗传多样性](#) [群体结构](#) [基因库](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页:

宗绪晓; 关建平; 王海飞; 马钰

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#)(560KB)

▶ [\[HTML全文\]](#)(0KB)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

相关信息

▶ [本刊中包含“豌豆\(*Pisum sativum* L.\)”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [宗绪晓,关建平,王海飞,马钰](#)