

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2010.01084

中国花生小核心种质与 ICRISAT 微核心种质的 SSR 遗传多样性比较

姜慧芳¹ 任小平¹ 张晓杰¹ 黄家权¹ 雷永¹ 晏立英¹ 廖伯寿¹
Hari D UPADHYAYA² Corley C HOLBROOK³

¹ 中国农业科学院油料作物研究所 / 农业部油料作物生物学重点开放实验室, 湖北武汉 430062; ² International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, Patancheru, AP 502 324, India; ³ USDA-ARS, PO Box 748, Tifton, Georgia 31793, USA

摘要: 明确花生种质资源的遗传多样性和分布规律, 对于发掘优良种质资源, 选配优良亲本, 拓宽育成品种的遗传基础具有重要意义。核心种质为种质资源的研究、评价和鉴定带来了方便。本研究从 206 对 SSR 引物中筛选 26 对引物对我国花生小核心种质和 ICRISAT 微核心种质共 466 份资源进行了遗传多样性分析, 相似系数为 0.49~0.99, 鉴定出遗传差异最大的种质 L2 刚果(中国花生资源)与 ICG12625(ICRISAT 资源), 相似系数为 0.49。分析结果表明, 多粒型花生的多态性信息量(0.761)和遗传多样性指数(0.97~1.11)均最大(平均相似系数最小, 0.73~0.76), 其次是普通型花生。中国花生种质资源与 ICRISAT 资源存在较大差异, 尤其是 ICRISAT 的赤道型材料 ICG12625, 与中国花生资源的差异最大。相似系数和遗传多样性指数的分析结果均表明, 我国花生种质资源的遗传多样性比 ICRISAT 资源丰富。

关键词: 花生; 核心种质; SSR; 遗传多样性

Comparison of Genetic Diversity between Peanut Mini Core Collections from China and ICRISAT by SSR Markers

JIANG Hui-Fang¹, REN Xiao-Ping¹, ZHANG Xiao-Jie¹, HUANG Jia-Quan¹, LEI Yong¹, YAN Li-Ying¹, LIAO Bo-Shou¹, Hari D UPADHYAYA², and Corley C HOLBROOK³

¹ Oil Crops Research Institute of Chinese Academy of Agricultural Sciences / Key Laboratory of Oil Crop Biology of Ministry of Agriculture, Wuhan 430062, China, ² International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, Patancheru, AP 502 324, India; ³ USDA-ARS, PO Box 748, Tifton, Georgia 31793, USA

Abstract: A core collection or mini core is a subset of accessions from the entire collection that covers most of available genetic diversity of a species. Extensive investigation of core collections is an efficient approach to enhance evaluation and utilization for crop germplasm. The mini core collections of peanut (*Arachis hypogaea* L.) from China consisting of 298 accessions and from International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (ICRISAT) consisting of 168 accessions were comparatively analysed by SSR method. Twenty six polymorphic SSR markers screened from 206 primer pairs were used to investigate the similarity and genetic distance among the peanut accessions involved. The similarity coefficients between the genotype pairs among the 466 accessions ranged from 0.49 to 0.99. The largest genetic distance was between L2 Gangguo (a Chinese genotype) and ICG12625 (an ICRISAT genotype) with a similarity coefficient of 0.49. Among the six botanical types in peanut, accessions of *fastigiata* and *hypogaea* were more diversified than other types. There was considerable genetic difference between the Chinese peanut accessions and some ICRISAT accessions especially with the *aequatoriana* genotype ICG12625. The genetic diversity was greater among the Chinese peanut mini core than that among ICRISAT mini core in terms of the similarity coefficient and genetic diversity index.

Keywords: Peanut; Core collection; SSR markers; Genetic diversity

过去二十多年来, 中国花生品种改良取得了显著成绩, 优良新品种的培育和应用在农业生产上发挥了巨大的作用^[1-4]。通过系谱分析发现, 在已育成

的 200 多个品种中, 70%以上含有“伏花生”和“狮头企”亲缘^[5-7]。生产上应用品种的遗传基础狭窄, 种质资源在育种中的有效利用效率较低。中国虽然收集

本研究由国家科技支撑计划(2006BAD13B05-2), 国家自然科学基金项目(30571132), 国家科技基础条件平台项目(2005DKA21002-13)和农作物种质资源保护项目(NB07-2130135-35)资助。

第一作者联系方式: E-mail: peanutlab@oilcrops.cn

Received(收稿日期): 2009-12-25; Accepted(接受日期): 2010-04-20.

保存大量来源广泛的种质材料^[8-10], 但对其遗传多样性缺乏了解^[11-15], 不能满足育种家拓宽品种遗传基础的需要, 限制了优质多抗花生品种遗传改良的进展。研究花生种质资源的遗传多样性, 可以了解不同类型、不同来源资源间的遗传关系, 掌握其主要特点和规律, 还能发掘优良种质资源, 对于选配优良亲本, 拓宽育成品种的遗传基础及提高种质资源的利用效率均具有重要意义^[16-18]。核心种质是研究种质资源遗传多样性和发掘优异基因的最佳群体材料^[19-21]。

中国保存的花生种质资源包括中国本土资源及 32 个国家或国际组织引进的材料。国际半干旱热带地区作物研究所(ICRISAT)保存的花生资源来源于 92 个国家, 但来自中国的材料较少。国际上, 不同国家间可能存在重复引种现象, 也可能存在同一资源引到不同国家后又引到 ICRISAT 的现象。因此, 研究比较中国花生资源与 ICRISAT 资源的遗传多样性及其差异是很有必要的, 鉴定出遗传差异较大的优良种质对育种实践也有重要意义。

近年来, 中国构建了以 298 份资源组成的中国花生小核心种质^[9-10], 国际半干旱热带地区作物研究所(ICRISAT)构建了 184 份资源组成的微核心种质^[12-13], 通过对小核心和微核心种质的植物学类型组成中各类型资源的遗传多样性指数及各性状的比较表明, 基础收集品中各类型资源的多样性和各种性状的变异在小核心和微核心种质中均存在。因此, 小核心和微核心种质为花生资源的评价和鉴定带来了方便。本文以中国花生小核心种质和 ICRISAT 微核心种质为材料, 通过 SSR 技术分析其遗传多样性, 旨在为加强中国花生种质资源的有效利用和进一步的收集引进提供基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

中国花生小核心种质 298 份, 其中多粒型 29 份, 珍珠豆型 119 份, 龙生型 21 份, 普通型 110 份, 中间型 19 份。ICRISAT 微核心种质 168 份, 其中多粒型 30 份, 珍珠豆型 64 份, 普通型 71 份, 秘鲁型 2 份, 赤道型 1 份。

1.2 试验方法

选取花生健壮幼叶, 用 CTAB 法提取基因组 DNA^[14-15]。用国际半干旱热带地区作物研究所(ICRISAT)生物技术实验室提供的 SSR 引物序列由上

海生工公司或北京奥科公司合成引物, 按本实验室建立的优化体系进行 PCR^[14-15]; 用 6%变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离扩增产物, 银染显色, 电脑扫描。

1.3 统计分析

根据 PCR 扩增结果, 在相同迁移率位置有带记为 1, 无带记为 0, 建立相应的数据库, 用 Popgen Ver.1.32 分析 Shannon-Weaver 多样性指数 I ^[16-17], 用 NTSYS-PCVer.2.0 计算相似系数, 按照余渝等^[18]计算多态性信息量, 用 NTSYS-PCVer.2.0 绘制三维聚类图^[16-17]。

2 结果与分析

2.1 2 个花生核心种质的多态性条带差异

用 206 对 SSR 引物对 24 份不同植物学类型材料基因组 DNA 进行扩增, 筛选到 54 对扩增效果较好的引物。用这 54 对引物对中国花生小核心种质和 ICRISAT 微核心种质共 466 份资源进行 PCR 分析, 结果表明, 只有 26 对引物在 466 份资源中均能扩增出清晰且具多态性的条带。引物 2A06 扩增出的 440 bp 带(称之为 2A06/440, 以下相似)在中国密枝亚种的 2 份龙生型和 21 份普通型材料中出现, 在疏枝亚种(多粒型和珍珠豆型)和中间型材料中均未出现, 在 ICRISAT 所有材料中均未扩增出此带(表1)。2B10/300 在中国的 1 份珍珠豆型材料中出现, 3B08/440 和 18B08/340 也只在中国的普通型 2 份材料中出现, 在其他所有材料中均未出现。9E08/560 在中国的 2 份普通型和 32 份珍珠豆型材料中扩增出来, 在其他材料中均未扩增出此带。可见, 中国花生资源的 SSR 带型比 ICRISAT 资源丰富。PM443/270 在 5 份多粒型和 5 份珍珠豆型材料中出现(包括中国和 ICRISAT 材料), 在密枝亚种材料中均未出现。3D09/380 和 3D09/450 在 3 份普通型材料中出现, 2D12B/440 在 1 份普通型材料中出现。9E08/500 在 6 份多粒型材料中出现, 16C06/430 在多粒型的 1 份材料中出现。说明不同类型资源存在 SSR 带型特异性。

从表 1 看出, 17E01、16C06、PM443、14H06、8D09 和 7G02 等 6 对引物的检测效率较高, 能扩增出 6~8 条多态性带。综合分析 26 对引物扩增的平均结果, 中国花生资源多粒型 3.962 条多态性带, 珍珠豆型 3.808 条, 普通型 4.038 条; ICRISAT 资源多粒型 3.769 条, 珍珠豆型 3.308 条, 普通型 3.654 条。这些结果表明, 中国资源中的多粒型、珍珠豆型和普通型的多态性条带均比 ICRISAT 对应类型多。

表 1 26 对 SSR 引物扩增中国和 ICRISAT 不同类型花生资源获得的多态性条带数
Table 1 Polymorphic bands number of the various peanut types from core collections by 26 SSR primer pairs

引物 Primer	中国资源 Mini core collection from China					ICRISAT 资源 Mini core collection from ICRISAT			
	多粒型	珍珠豆型	龙生型	普通型	中间型	多粒型	珍珠豆型	秘鲁型	中间型
	<i>fastigiata</i>	<i>vulgaris</i>	<i>hirsuta</i>	<i>hypogaea</i>	Intermediate	<i>fastigiata</i>	<i>vulgaris</i>	<i>peruviana</i>	Intermediate
2A06	2	2	3	3	2	2	2	2	3
3B08	4	4	3	5	3	3	3	2	4
2B10	3	4	2	0	2	3	3	2	3
2E06	4	4	4	4	4	4	4	0	4
PM436	3	3	2	4	4	4	4	0	4
PM137	5	5	5	5	2	5	5	4	5
18C05	4	4	3	4	2	4	4	0	3
13A07	2	2	0	2	2	2	0	0	2
9E08	4	4	0	4	2	3	4	2	3
19A05	2	2	0	2	0	2	2	2	2
15F12	3	3	3	3	2	3	3	0	3
3D09	0	0	0	4	0	2	0	0	4
2F05	3	2	3	3	0	4	2	0	3
7H06	2	3	0	2	2	2	2	0	2
13A10	4	4	0	4	0	4	4	0	4
18B08	4	4	0	5	0	4	0	0	4
17E01	6	6	4	6	0	6	6	2	4
16C06	8	6	4	6	5	8	5	2	6
15D03	3	3	3	3	3	3	3	2	3
16F10	3	3	3	3	3	2	2	1	2
PM443	6	6	5	5	4	4	6	0	4
14H06	6	6	4	6	4	6	6	4	6
8D09	8	8	4	8	4	6	4	2	4
2D12B	3	2	2	4	2	3	3	2	4
1B09	4	4	3	3	2	4	4	0	4
7G02	7	5	4	7	5	5	5	0	5
平均 Average	3.962	3.808	2.462	4.038	2.269	3.769	3.308	1.115	3.654

ICRISAT 资源中虽然包含中国资源中没有的赤道型和秘鲁型材料,但在这 2 种类型材料中没有检测出特殊的带型。中国资源中含有 ICRISAT 没有的龙生型和中间型材料,在中间型材料中没有检测出特殊的带型,但龙生型资源中有 ICRISAT 微核心种质材料不具备的 2A06/440 特异带型。

2.2 2 个花生核心种质的多态性信息量差异

不同引物的多态性信息量(表 2)与多态性条带结果存在微小差异,除 17E01、16C06、PM443、14H06、8D09 和 7G02 等 6 对引物扩增出的多态性信息量较大外,1B09、13A10、PM137 和 PM436 等 4 对引物扩增获得的多态性信息量也较大。总的来看,中国花生资源多态性信息量为多粒型 0.761,珍珠豆型 0.679,普通型 0.719;ICRISAT 资源多态性信息量为多粒型 0.708,珍珠豆型 0.663,普通型

0.665。说明中国资源中的多粒型、珍珠豆型和普通型的多态性信息量均比 ICRISAT 对应类型丰富。

2.3 2 个核心种质在相似系数和多样性指数方面的差异

根据 26 对引物在 466 份材料中扩增出的 DNA 片段统计并计算分析(表 3),2 个核心种质两两之间的相似系数为 0.49~0.99,相似系数小于或等于 0.60 的有 2 791 个组合,占总组合数的 2.56%。中国花生小核心种质两两之间的相似系数为 0.51~0.99,相似系数小于或等于 0.60 的有 560 个组合,占总组合数的 1.26%。ICRISAT 微核心种质两两之间的相似系数为 0.53~0.99,相似系数小于或等于 0.60 的有 367 个组合,占总组合数的 2.59%。可见,中国花生核心种质的遗传分化程度大于 ICRISAT,而 ICRISAT 核心种质中的遗传差异相对较大的种质较多。

表 2 26 对 SSR 引物扩增中国和 ICRISAT 不同类型花生资源获得的多态性信息量
Table 2 Polymorphic information content of the various peanut types from core collections by 26 SSR primer pairs

引物 Primer	中国资源 Mini core collection from China					ICRISAT 资源 Mini core collection from ICRISAT			
	多粒型	珍珠豆型	龙生型	普通型	中间型	多粒型	珍珠豆型	秘鲁型	普通型
	<i>fastigiata</i>	<i>vulgaris</i>	<i>hirsuta</i>	<i>hypogaea</i>	Intermediate	<i>fastigiata</i>	<i>vulgaris</i>	<i>peruviana</i>	<i>hypogaea</i>
2A06	0.793	0.617	0.872	0.874	0.842	0.815	0.414	0.722	0.829
3B08	0.749	0.412	0.173	0.487	0.531	0.540	0.542	0.500	0.635
2B10	0.580	0.282	0.490	0	0.375	0.464	0.561	0.500	0.392
2E06	0.919	0.896	0.928	0.934	0.922	0.907	0.891	0	0.917
PM436	0.486	0.633	0.472	0.511	0.227	0.56	0.421	0	0.693
PM137	0.928	0.944	0.897	0.944	0.889	0.933	0.955	0.938	0.930
18C05	0.726	0.508	0.431	0.440	0.398	0.533	0.202	0	0.326
13A07	0.330	0.381	0	0.421	0.219	0.064	0.242	0	0.317
9E08	0.677	0.534	0.095	0.330	0.305	0.558	0.488	0.500	0.425
19A05	0.497	0.161	0	0.101	0	0.498	0.305	0.500	0.131
15F12	0.622	0.343	0.608	0.554	0.398	0.540	0.275	0	0.540
3D09	0	0	0	0.881	0	0.875	0.875	0	0.885
2F05	0.906	0.882	0.903	0.883	0	0.418	0.375	0	0.200
7H06	0.901	0.899	0	0.889	0.882	0.320	0.144	0	0.200
13A10	0.922	0.883	0	0.884	0	0.983	0.897	0	0.878
18B08	0.894	0.877	0	0.881	0	0.883	0.875	0	0.878
17E01	0.933	0.897	0.903	0.895	0	0.945	0.951	0.984	0.970
16C06	0.942	0.918	0.921	0.901	0.907	0.989	0.959	0.906	0.934
15D03	0.569	0.345	0.177	0.504	0.461	0.480	0.172	0.500	0.472
16F10	0.642	0.514	0.608	0.657	0.664	0.624	0.651	0.500	0.564
PM443	0.973	0.969	0.973	0.966	0.968	0.992	0.991	0	0.941
14H06	0.978	0.979	0.967	0.978	0.975	0.982	0.981	0.981	0.982
8D09	0.988	0.988	0.987	0.987	0.986	0.952	0.941	0.938	0.895
2D12B	0.907	0.895	0.894	0.899	0.889	0.660	0.510	0.500	0.534
1B09	0.988	0.986	0.985	0.987	0.986	0.912	0.895	0	0.894
7G02	0.936	0.916	0.932	0.914	0.930	0.980	0.937	0	0.927
平均 Average	0.761	0.679	0.548	0.719	0.529	0.708	0.663	0.345	0.665

表 3 中国和 ICRISAT 不同类型花生资源的相似系数
Table 3 Similarity coefficient of different peanut types from peanut mini core collection

资源 Resource	类型 Botanical types	资源份数 Accession number	相似系数 Similarity coefficient			相似系数 ≤0.60 组数 Pairs with coefficient less than 0.60	相似系数≤0.60 组数的比例 Percentage of pairs with coefficient less than 0.60 (%)	遗传多样性 指数 Genetic diversity index
			最大值 Max	最小值 Min	平均值 Average			
中国资源 Mini core collection from China	多粒型 <i>fastigiata</i>	29	0.98	0.55	0.73	18	4.43	1.11
	珍珠豆型 <i>vulgaris</i>	119	0.99	0.57	0.82	7	0.10	0.87
	龙生型 <i>hirsuta</i>	21	0.97	0.64	0.85	0	0	0.73
	普通型 <i>hypogaea</i>	110	0.99	0.56	0.78	30	0.50	0.89
	中间型 <i>Intermediata</i>	19	0.99	0.71	0.85	0	0	0.87
ICRISAT 资源 Mini core collection from ICRISAT	多粒型 <i>fastigiata</i>	30	0.94	0.57	0.76	4	0.88	0.97
	珍珠豆型 <i>vulgaris</i>	64	0.99	0.61	0.82	—	—	0.83
	秘鲁型 <i>peruviana</i>	2	—	—	0.79	—	—	0.61
	普通型 <i>hypogaea</i>	71	0.99	0.60	0.81	1	0.04	0.88

在中国花生核心种质中,多粒型材料的平均相似系数 0.73, 变异范围 0.55~0.98, 相似系数 ≤ 0.60 的有 18 个组合, 占 4.43%。珍珠豆型材料的平均相似系数 0.82, 变异范围 0.57~0.99, 相似系数 ≤ 0.60 的有 7 个组合, 占 0.10%。龙生型材料的平均相似系数 0.85, 变异范围 0.64~0.97。普通型材料的平均相似系数 0.78, 变异范围 0.56~0.99, 相似系数 ≤ 0.60 的有 30 个组合, 占 0.89%。中间型材料的平均相似系数 0.85, 变异范围 0.71~0.99。可见, 中间型和龙生型资源材料的遗传变异较小, 而多粒型材料的遗传变异较大。在不同植物学类型之间, 多粒型与珍珠豆型的相似系数为 0.72, 与龙生型 0.71, 与普通型 0.71, 与中间型 0.68; 珍珠豆型与龙生型相似系数为 0.74, 与普通型 0.75, 与中间型 0.76; 龙生型与普通型 0.79, 与中间型 0.73; 普通型与中间型 0.76。在 ICRISAT 微核心种质中, 多粒型材料的平均相似系数 0.76, 变异范围 0.57~0.94, 相似系数 ≤ 0.60 的有 4 个组合, 占 0.88%。珍珠豆型材料的平均相似系数 0.82, 变异范围 0.61~0.99。秘鲁型材料只有 2 份, 相似系数为 0.79。普通型材料的平均相似系数 0.81, 变异范围 0.60~0.99, 相似系数 ≤ 0.60 的只有 1 个组合, 占 0.04%。可见, ICRISAT 核心种质中也是多粒型材料的遗传变异较大。在不同植物学类型之间, 赤道型与多粒型的相似系数为 0.61, 与秘鲁型 0.66, 与珍珠豆型 0.64, 与普通型 0.62; 多粒型与秘鲁型 0.71, 与珍珠豆型的相似系数为 0.73, 与普通型 0.67; 秘鲁型与珍珠豆型 0.75, 与普通型 0.74; 珍珠豆型与普通型 0.71。结果表明, ICRISAT 的不同植物学类型之间的相似系数比中国花生资源的对应值小, 即不同类型之间的遗传分化比中国花生资源大。来源于中国花生核心种质的 L2 刚果与来源于 ICRISAT 核心种质的 ICG12625 之间的相似系数最小, 为 0.49。遗传差异较大, 相似系数只有 0.51 的还有新宾四粒红(中国)与 ICG12625, 新建社花生(中国)与

ICG12625, 龙溪晚(中国)与 ICG12625, 卡里木巴那(中国)与 ICG12625, F2(中国)与 ICG12625, 抚宁多粒(中国)与 ICG5745, 等等。

在多样性指数方面, 中国花生核心种质的多粒型为 1.11, 珍珠豆型 0.87, 龙生型 0.73, 普通型 0.89, 中间型 0.87; ICRISAT 资源的多粒型为 0.97, 珍珠豆型 0.83, 秘鲁型 0.61 (只 2 份材料的结果), 普通型 0.88。这些结果表明, 多粒型花生资源的遗传多样性最为丰富, 其次是普通型; 另一方面, 中国资源的遗传多样性比 ICRISAT 资源丰富。

2.4 2 个核心种质的相似性

中国与 ICRISAT 花生种质之间的相似系数为 0.49~0.94, 遗传差异最大的种质是 L2 刚果与 ICG12625, 相似系数为 0.49; 遗传差异最小的种质是新华 6 号与 ICG1415, 相似系数为 0.94, 其次是新华 6 号与 ICG1455, 8506-4 与 ICG4527, 相似系数均为 0.93。从平均值看, ICRISAT 的赤道型材料 ICG12625 与中国花生资源的差异最大, 相似系数为 0.6038, 其次是 ICG3673 与中国花生资源的差异, 相似系数为 0.6253; 与中国花生最为相似的种质是 ICG2925, 相似系数为 0.7624, 其次是 ICG12672, 相似系数为 0.7589。

从表 4 看, 2 个核心种质的普通型之间以及珍珠豆型之间的相似系数较大, 分别为 0.7412 和 0.7407, 但多粒型之间的差异较大, 相似系数只有 0.6797。ICRISAT 的 2 个新类型即赤道型和秘鲁型与其他类型的差异均较大, 赤道型与中国的普通型和多粒型的差异比它与中间型和龙生型的差异小, 秘鲁型与中国的多粒型和龙生型的差异比它与珍珠豆型的差异小。这些结果表明, 这 2 个类型与中国多粒型的差异大, 与中间型的差异小。

2.5 2 个核心种质的遗传分化

基于 SSR 数据, 利用 NTSYS-PC 软件进行主成分分析, 结果表明, 中国花生小核心种质基本聚类成 3

表 4 中国花生核心种质与 ICRISAT 微核心种质不同类型之间的相似系数

Table 4 Similarity coefficient among different botanical types between Chinese and ICRISAT peanut mini core collections

	赤道型 <i>aequatoriana</i>	秘鲁型 <i>peruviana</i>	多粒型 <i>fastigiata</i>	珍珠豆型 <i>vulgaris</i>	普通型 <i>hypogaea</i>
多粒型 <i>fastigiata</i>	0.6000	0.6740	0.6797	0.6865	0.6601
珍珠豆型 <i>vulgaris</i>	0.6183	0.7076	0.6979	0.7407	0.7128
龙生型 <i>hirsuta</i>	0.6238	0.6848	0.6581	0.6750	0.7392
普通型 <i>hypogaea</i>	0.5812	0.6936	0.6696	0.6929	0.7412
中间型 Intermediate	0.6300	0.7291	0.6797	0.7265	0.7392

个种质群(图 1), 即密枝亚种群(II, 主要由普通型和龙生型材料组成), 珍珠豆型种质群(IV, 主要包括珍珠豆型材料), 多粒型种质群(V, 主要包括多粒型材料)。ICRISAT 微核心种质也基本聚为 3 个种质群, 即 *hypogaea* 种质群(I, 主要由普通型材料组成), *vulgaris* 种质群(III, 包括珍珠豆型材料), *fastigiata* 种质群(VI, 包括多粒型材料)。2 个核心种质存在较大差异, 其相同植物学类型材料聚在不同的种质群中, 如普通型资

源, 中国材料主要集中在种质群 II, ICRISAT 材料主要集中在种质群 I。珍珠豆型材料, 中国资源主要集中在种质群 IV, ICRISAT 种质主要集中在种质群 III。多粒型种质, 中国资源主要集中在种质群 VI, ICRISAT 资源主要集中在种质群 V。3 个主成分能解释 61.22% 的总变异(33.48%、16.60%和 11.20%), 表明两个核心种质的 DNA 水平上的差异是真实存在的。因此, 中国核心种质与 ICRISAT 核心种质具有互补性。

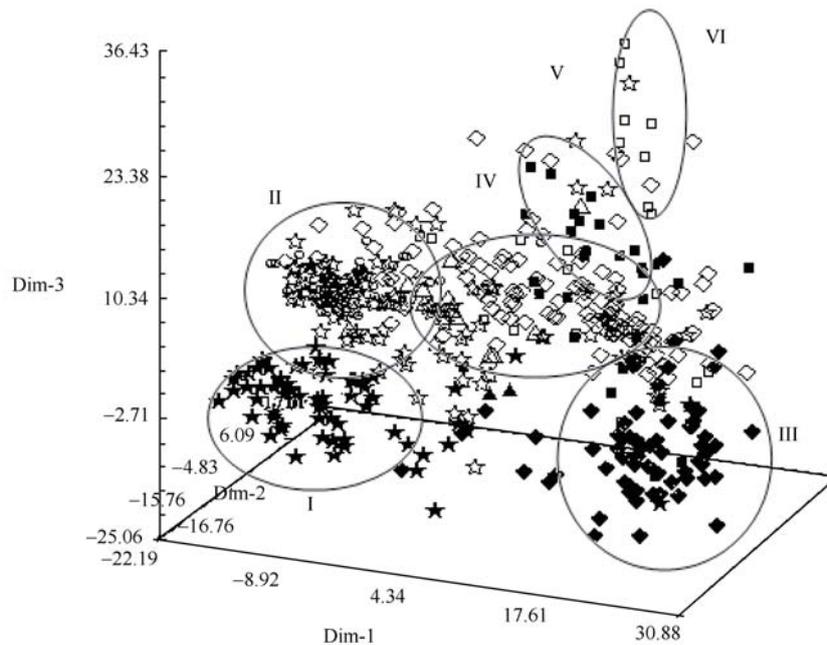


图 1 中国花生小核心种质和 ICRISAT 微核心种质的三维聚类图

Fig. 1 3D-PCA graph of peanut mini core collections from Chinese and ICRISAT based by SSR analysis

Dim-1(主成分 1): 最小值 = -22.19, 最大值 = 30.88; Dim-2(主成分 2): 最小值 = -25.06, 最大值 = 17.71; Dim-3(主成分 3): 最小值 = -16.76, 最大值 = 36.43。●赤道型(ICRISAT); ■多粒型(ICRISAT); ▲秘鲁型(ICRISAT); ◆珍珠豆型 *vulgaris*(ICRISAT); ★普通型(ICRISAT); □多粒型(中国); ◇珍珠豆型(中国); ○龙生型(中国); ☆普通型(中国); △中间型(中国)。

Dim-1 (PCA 1): Min = -22.19, Max = 30.88; Dim-2 (PCA 2): Min = -25.06, Max = 17.71; Dim-3 (PCA 3): Min = -16.76, Max = 36.43.

●*aequatoriana*(ICRISAT); ■*fastigiata*(ICRISAT); ▲*peruviana*(ICRISAT); ◆*vulgaris*(ICRISAT); ★*hypogaea*(ICRISAT); □*fastigiata*(China); ◇*vulgaris*(China); ○*hirsuta*(China); ☆*hypogaea*(China); △*intermediate*(China)。

3 讨论

本研究表明, 中国花生种质资源的遗传多样性比 ICRISAT 资源丰富, 但 ICRISAT 资源中, 遗传差异相对较大的种质较多。这些结果与表型性状的研究结果^[10]一致, 即中国花生资源的大多数植物学性状(主茎高、主茎节数、叶片宽、结果分枝数、单株结果数、单株产量、出仁率等)的变异范围比 ICRISAT 资源宽, 只有少数性状的变异范围(总分枝数和荚果长)不及 ICRISAT 资源。中国花生种质资源的遗传多样性比 ICRISAT 资源丰富的原因可能是中国具有丰富的龙生型材料, 而在 ICRISAT 微核心种

质中没有涉及。ICRISAT 资源中虽然有中国花生中没有的赤道型和秘鲁型材料, 但根据植物学性状的观察, 其叶片形状、荚果网纹和果嘴以及种皮颜色与中国花生资源中的多粒型某些材料相似。

中国的栽培种花生分为 2 个亚种 4 个植物学类型(变种), 不同亚种间杂交产生了第 5 个植物学类型(中间型), 其中, 龙生型是中国特有的资源类型^[6-7]。ICRISAT 的栽培种花生分为 6 个类型, 其中的赤道型、秘鲁型、多粒型和珍珠豆型均属于疏枝亚种。2 个核心种质的 SSR 分析结果均表明, 多粒型花生资源的遗传多样性最为丰富, 其次是普通型。这些结果为花生品种的遗传改良和扩大中国花

生育成品种的遗传基础提供了理论指导。

聚类分析结果表明, 中国花生核心种质与 ICRISAT 微核心种质存在较大差异, 除多粒型外, 2 个核心种质中的相同植物学类型材料基本上能区分开, 尤其是 ICRISAT 的赤道型种质 ICG12625 与中国花生种质的差异最大。遗传差异较大的种质包括 L2 刚果(中国)与 ICG12625(ICRISAT), 新宾四粒红(中国)与 ICG12625, 新建社花生(中国)与 ICG12625, 龙溪晚(中国)与 ICG12625, 等等, 为建立花生作图群体和构建遗传连锁图提供了有效的材料基础。

4 结论

中国花生小核心种质的遗传多样性比 ICRISAT 微核心种质丰富, 多粒型资源的遗传变异最丰富, 其次是普通型。获得了遗传差异最大的种质 L2 刚果和 ICG12625。

References

- [1] Wang Y-B(王耀波), Zhang Y-B(张芝兵), Zhang P(张鹏), Men A-J(门爱军). Perspectives and export promoting strategies in Chinese peanut industry after entering WTO. *J Peanut Sci* (花生学报), 2003, 32(suppl): 24–29 (in Chinese)
- [2] Liao B-S(廖伯寿). Competitiveness analysis of oil industry in China. *J Peanut Sci* (花生学报), 2003, 32(suppl): 11–15 (in Chinese)
- [3] Liang X-Q(梁炫强), Pan R-Z(潘瑞炽), Bin J-H(宾金华). Progress on mechanism of resistance to *Aspergillus* infection in peanut. *Chin Oil Crops Sci* (中国油料作物学报), 2000, 22(3): 77–80 (in Chinese with English abstract)
- [4] Jiang H-F(姜慧芳), Wang S-Y(王圣玉), Ren X-P(任小平). Reaction of groundnut germplasm to *Aspergillus flavus* invasion. *Chin Oil Crops Sci* (中国油料作物学报), 2002, 24(1): 23–25 (in Chinese with English abstract)
- [5] Yu S-L(禹山林). Peanut Varieties and Their Pedigree in China (中国花生品种及其系谱). Shanghai: Shanghai Science and Technology Press, 2008 (in Chinese)
- [6] Sun D-R(孙大容). Peanut Breeding (花生育种学). Beijing: Chinese Agriculture Press, 1998 (in Chinese)
- [7] Wan S-B(万书波). Peanut Cultivation in China (中国花生栽培学). Shanghai: Shanghai Science and Technology Press, 2008 (in Chinese)
- [8] Jiang H-F(姜慧芳), Ren X-P(任小平). Genetic diversity of peanut resource on morphological characters and seed chemical components in China. *Chin Oil Crops Sci* (中国油料作物学报), 2006, 28(4): 421–426 (in Chinese with English abstract)
- [9] Jiang H-F(姜慧芳), Ren X-P(任小平), Huang J-Q(黄家权), Liao B-S(廖伯寿), Lei Y(雷永). Establishment of peanut mini core collection in China and exploration of new resource with high oleat. *Chin Oil Crops Sci* (中国油料作物学报), 2008, 30(3): 294–299 (in Chinese with English abstract)
- [10] Jiang H-F(姜慧芳), Ren X-P(任小平), Liao B-S(廖伯寿), Huang J-Q(黄家权), Lei Y(雷永), Chen B-Y(陈本银), Guo B Z, Holbrook C C, Upadhyaya H D. Peanut core collection established in china and compared with ICRISAT mini core collection. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(1): 25–30 (in Chinese with English abstract)
- [11] Mace E S, Phong D T. SSR analysis of cultivated groundnut (*Arachis hypogaea* L.) germplasm resistant to rust and late leaf spot diseases. *Euphytica*, 2006, 152: 317–330
- [12] Upadhyaya H D. Phenotypic diversity in groundnut (*Arachis hypogaea* L.) core collection assessed by morphological and agronomical evaluations. *Genet Resour Crop Evol*, 2003, 50: 539–550
- [13] Upadhyaya H D, Bramel P J, Ortiz R, Singh S. Geographical patterns of diversity for morphological and agronomic traits in the groundnut germplasm collection. *Euphytica*, 2002, 128: 191–204
- [14] Jiang H F, Liao B S, Ren X P, Lei Y, Mace E, Fu T D, Crouch J H. Comparative assessment of genetic diversity of peanut (*Arachis hypogaea* L.) genotypes with various levels of resistance to bacterial wilt through SSR and AFLP analyses. *J Genet Genom*, 2007, 34: 544–554
- [15] Jiang H-F(姜慧芳), Chen B-Y(陈本银), Ren X-P(任小平), Liao B-S(廖伯寿), Lei Y(雷永), Fu T-D(傅廷栋), Ma C-Z(马朝芝), Mace E, Crouch J H. Identification of SSR markers linked to bacterial wilt resistance of peanut with RILs. *Chin Oil Crops Sci* (中国油料作物学报), 2007, 29(1): 26–30 (in Chinese with English abstract)
- [16] Liu J(刘金), Guan J-P(关建平), Xu D-X(徐东旭), Zhang X-Y(张晓艳), Gu J(顾竟), Zong X-X(宗绪晓). Analysis of genetic diversity and population structure in lentil (*Lens culinaris* Medik.) germplasm by SSR markers. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(11): 1901–1909 (in Chinese with English abstract)
- [17] Zong X-X(宗绪晓), Guan J-P(关建平), Wang S-M(王述民), Liu C-Q(刘庆昌). Genetic diversity among chinese pea (*Pisum sativum* L.) landraces revealed by SSR markers. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(8): 1330–1338 (in Chinese with English abstract)

- [18] Yu Y(余渝), Wang Z-W(王志伟), Feng C-H(冯常辉), Zhang Y-X(张艳欣), Lin Z-X(林忠旭), Zhang X-L(张献龙). Genetic evaluation of EST-SSRs derived from *Gossypium herbaceum*. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(12): 2085–2091 (in Chinese with English abstract)
- [19] Upadhyaya H D, Bramel P J, Ortiz R, Singh S. Developing a mini core of peanut for utilization of genetic resources. *Crop Sci*, 2002, 42: 2150–2156
- [20] Holbrook C C, Anderson W F, Pittman R N. Selection of a core collection from the US germplasm collection of peanut. *Crop Sci*, 1993, 33: 859–861
- [21] Holbrook C C, Dong W B. Developing and evaluation of a mini core collection for the US peanut germplasm collection. *Crop Sci*, 2005, 45: 1540–1544

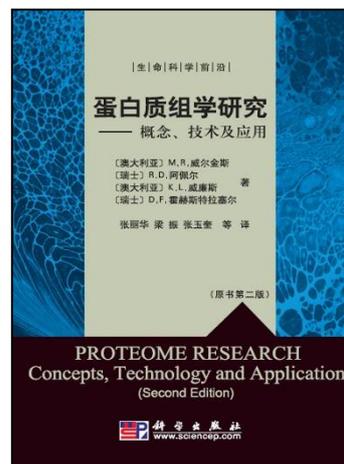
科学出版社生命科学分社新书推介

《蛋白质组学研究——概念、技术及应用》(生命科学前沿丛书)(原书第二版)

M.R.威尔金斯 等著 张丽华 等译

978-7-03-027218-8 ¥48.00 2010年5月

在蛋白质组学水平上,对生命活动的功能执行体——蛋白质进行深入系统的研究,不仅有助于全景式地揭示生命活动的本质,而且对于研究疾病机制、发展预警、诊断和治疗方法均具有重要意义。本书在综述蛋白质组学近10年的发展历程基础上,探讨了蛋白质组在样品预处理、质谱鉴定、定量分析、成像分析、数据处理、相互作用等方面的技术发展,并介绍了蛋白质组学在生物、医学领域的应用。此外,还对蛋白质组学未来的发展方向进行了展望。本书可供生物、医学、化学、药学等领域的研究人员参考,也可作为高等院校相关专业本科生和研究生的参考书。



《农用地膜的应用与污染防治》(现代农业高新技术丛书)

严昌荣 等编著

978-7-03-027501-1 ¥48.00 2010年5月

本书从我国农用地膜的应用与地膜残留污染的角度,以丰富的资料和翔实的数据分区域介绍了地膜主要应用模式和关键技术,以及地膜污染的特点,对地膜覆盖栽培与地膜污染防治的未来发展进行了系统分析,以期促进地膜覆盖技术的合理应用和地膜污染问题的解决,为地膜应用与污染防治提供科学依据。本书可供从事农业与环境管理、科研、生产等领域的研究人员、专业技术人员、教学人员和相关专业的研究生、大学生等参考。



欢迎各界人士邮购科学出版社各类图书

联系人: 科学出版社科学销售中心 周文宇 电话: 010-64031535 E-mail: zhouwenyu@mail.sciencep.com

网上订购: <http://www.dangdang.com> <http://www.amazon.cn>

联系我们: 010-64012501 <http://www.lifescience.com.cn> E-mail: lifescience@mail.sciencep.com

更多精彩图书请登陆网站, 欢迎致电索要书目