

271 份豌豆种质资源农艺性状遗传多样性分析

万述伟, 宋风景, 郝俊杰, 张晓艳, 李红卫, 邵 阳, 赵爱鸿

(青岛市农业科学研究院, 山东青岛 266100)

摘要: 以来自五大洲 57 个国家和地区的 271 份豌豆资源为材料, 利用主成分分析和聚类分析的方法, 评价其 2 个质量性状和 7 个数量性状的遗传变异水平。结果表明, 参试资源的农艺性状具有丰富的遗传多样性。其中遗传多样性指数最高的是始荚节位(2.0590), 其次是主茎节数(2.0421); 性状变异系数最大的是小区产量(64.874%), 其次是百粒重(61.870%)。采用 SPSS 22.0 软件对参试资源 7 个数量性状的主成分分析结果表明, 前 3 个主成分因子累计贡献率达 66.021%, Ward 法聚类将参试的 271 份豌豆资源划分为 4 大类群, 其中第 II 类群属于高秆、大粒、高产种质, 具有很高的丰产潜力, 为我国杂交育种亲本选择提供了原材料。对取材数大于等于 5 的来自于四大洲 17 个国家的参试资源进一步分析发现, 不同地理区域资源间遗传变异显著, 其中印度的遗传多样性指数最高(1.7533), 巴基斯坦的最低(0.9685), 波兰的变异系数和遗传多样性都较高。综合分析国外种质资源的农艺性状, 有助于我国豌豆育种项目亲本选配。

关键词: 豌豆; 国外种质; 农艺性状; 遗传多样性

Genetic Diversity of Agronomic Traits in 271 Pea Germplasm Resources

WAN Shu-wei, SONG Feng-jing, HAO Jun-jie, ZHANG Xiao-yan, LI Hong-wei, SHAO Yang, ZHAO Ai-hong

(Qingdao Academy of Agricultural Science, Shandong Qingdao 266100)

Abstract: Pea is the third largest legume crops globally, and the demand for peas is increasing in the developing world. In order to understand the genetic diversity of foreign pea genetic resources and improve the efficiency of pea breeding programs in China, nine agronomic traits of 271 peas from 57 countries and prefectures had been analyzed for genetic diversity by using cluster analysis and principal component analysis. The results demonstrated a high level of genetic diversity among these peas. The genetic diversity index of first fruiting nodes(2.0590) was highest, followed by nodes number of the main stem(2.0421). The coefficient variation(CV) of seed weight per plot(64.874%) was highest, followed by 100-seed weight(61.870%). In recent study, the principal components of 7 quantitative traits were analyzed, and the results showed that the accumulation indices of the top three principal components was up to 66.021%. Cluster analysis showed that 271 pea accessions were classified into 4 groups. The Group II had traits of tall stalks, big seeds and high yield, providing useful resources for hybridization breeding. The resources from the 17 countries of 4 continents showed significant genetic diversity, the genetic diversity index of India was highest. Comprehensive analysis of agronomic traits provided scientific information for effective use of pea genetic resources in pea breeding programs of China.

Key words: pea (*Pisum sativum* L.); foreign germplasm; agronomic traits; genetic diversity

豌豆 (*Pisum sativum* L.), 又名麦豌豆、麦豆、寒豆、荷兰豆, 豆科豌豆属的一年或越年生草本植物^[1], 喜冷凉湿润气候, 具有耐寒、耐旱、耐瘠等特点, 具有很强的适应性, 地理分布广泛^[2]。豌豆是

修回日期: 2016-03-10 修回日期: 2016-05-05 网络出版日期: 2016-12-16

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20161216.0929.006.html>

基金项目: 青岛市惠民计划(14-2-3-35-nsh); 国家食用豆产业技术体系建设项目(CARS-09); 公益性行业(农业)科研专项(201303007-3)

第一作者主要从事蔬菜育种。E-mail: 471885194@qq.com

通信作者: 张晓艳, 主要从事食用豆的遗传资源研究。E-mail: qdzhangxiaoyan16@163.com

世界上第三大豆类作物,在全世界有 90 多个国家种植^[3]。豌豆富含碳水化合物、蛋白质和各种维生素,具有较全面而均衡的营养^[4]。豌豆传入中国的具体时间不详,栽培历史已有 2000 多年,作为蔬菜、粮食和饲料等原料广泛栽培于全国各地^[5]。据联合国粮农组织(FAO)统计,2013 年我国豌豆干籽粒产量 138 万 t,居世界第 2 位,仅次于加拿大^[6-7];此外,我国是世界上鲜食豌豆生产第一大国。

世界上生产豌豆的主要国家,如加拿大、印度、澳大利亚等,十分重视豌豆种质资源的收集和保存。国内 20 世纪末开始此项工作,现保存 6200 余份豌豆资源。随着人们生活水平的提高和膳食结构的变化,国内外市场对豌豆的需求量增多,但是我国豌豆品种退化严重,在国内外市场面临着严峻的考验^[8]。在新品种选育方面,我国豌豆优良亲本有限,不足以满足育种需要,急需引进国外资源,以促进国内豌豆产业发展^[9]。

分析豌豆遗传多样性,不仅有利于豌豆种质资源的合理保存、优异豌豆种质资源的挖掘与创新,而且对豌豆生产和育种具有重要指导意义^[10]。国内外专家已经开展过豌豆种质资源农艺性状遗传多样

性分析,如 K. Gemechu 等^[11]利用 12 个农艺性状对 148 份豌豆地方品种进行多样性分析,发现埃塞俄比亚的豌豆地方品种具有较高的遗传多样性。国外对豌豆表型性状的遗传多样性分析多为本区域调查,因此对我国豌豆育种的实用性较低。

主成分分析和聚类分析是遗传育种和种质资源遗传多样性研究中普遍采用的方法^[12],已在大豆^[13]、蚕豆^[14]、小麦^[15]等多种作物种质资源中得到广泛应用。本研究拟利用各种软件对来自五大洲 57 个国家和地区的 271 份豌豆种质资源的 9 个农艺性状进行分析,评估国外种质资源的遗传多样性,为我国豌豆资源深入的研究和育种亲本合理选配提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

参试豌豆种质资源 271 份,均由本课题组从美国农业部西部地区引种中心引进。其中涵盖了欧洲(122 份)、亚洲(84 份)、美洲(22 份)、非洲(21 份)和大洋洲(6 份)等五大洲 57 个国家和地区的豌豆种质资源(表 1),这些资源均为粮用豌豆。

表 1 豌豆种质资源的来源及数目

Table 1 The origin and number of pea genetic resources

| 来源地 | 数目 | 来源地 | 数目 | 来源地 | 数目 | | | |
|--------|---------------------|--------|--------|-----------------------|--------|------|---------------|----|
| Origin | Number | Origin | Number | Origin | Number | | | |
| 印度 | India | 29 | 新西兰 | New Zealand | 4 | 几内亚 | Guinea | 1 |
| 埃塞俄比亚 | Ethiopia | 16 | 丹麦 | Denmark | 3 | 加拿大 | Canada | 1 |
| 德国 | Germany | 15 | 希腊 | Greece | 3 | 拉脱维亚 | Latvia | 1 |
| 阿富汗 | Afghanistan | 12 | 叙利亚 | Syria | 3 | 黎巴嫩 | Lebanon | 1 |
| 波兰 | Poland | 12 | 伊朗 | Iran | 3 | 卢旺达 | Rwanda | 1 |
| 土耳其 | Turkey | 12 | 澳大利亚 | Australia | 2 | 罗马尼亚 | Romania | 1 |
| 荷兰 | Netherlands | 11 | 巴西 | Brazil | 2 | 马来西亚 | Malaysia | 1 |
| 匈牙利 | Hungary | 11 | 俄罗斯联邦 | Russian Federation | 2 | 尼日利亚 | Nigeria | 1 |
| 英国 | United Kingdom | 11 | 厄瓜多尔 | Ecuador | 2 | 挪威 | Norway | 1 |
| 瑞典 | Sweden | 10 | 哥斯达黎加 | Costa Rica | 2 | 塞浦路斯 | Cyprus | 1 |
| 捷克 | Czech Republic | 9 | 墨西哥 | Mexico | 2 | 苏丹 | Sudan | 1 |
| 前苏联 | Former Soviet Union | 8 | 南斯拉夫 | Serbia and Montenegro | 2 | 中国台湾 | Taiwan, China | 1 |
| 美国 | United States | 7 | 日本 | Japan | 2 | 泰国 | Thailand | 1 |
| 尼泊尔 | Nepal | 7 | 危地马拉 | Guatemala | 2 | 委内瑞拉 | Venezuela | 1 |
| 巴基斯坦 | Pakistan | 5 | 乌克兰 | Ukraine | 2 | 乌干达 | Uganda | 1 |
| 西班牙 | Spain | 5 | 阿尔巴尼亚 | Albania | 1 | 以色列 | Israel | 1 |
| 中国内地 | China | 5 | 爱沙尼亚 | Estonia | 1 | 意大利 | Italy | 1 |
| 保加利亚 | Bulgaria | 4 | 巴拉圭 | Paraguay | 1 | 智利 | Chile | 1 |
| 法国 | France | 4 | 洪都拉斯 | Honduras | 1 | 未知 | Unknown | 16 |
| 芬兰 | Finland | 4 | | | | | | |

1.2 试验设计与性状调查

参试资源于 2014 年 3 月播种于山东省青岛市农业科学研究院试验田内,每份资源播种 2 行,行长

3 m,行距 50 cm,株距 10 cm,点播。试验地为水浇地,壤土,肥力中等,适时进行田间管理。2014 年 5-8 月进行田间数据采集与整理。

田间性状调查参照《豌豆种质资源描述规范和数据标准》进行^[16]。待植株开花时调查质量性状花旗瓣色和花翼瓣色;待植株生长至成熟期时调查数量性状株高、单株分枝数、主茎节数、始荚节位、单分枝荚数、小区产量和百粒重(表2)。

1.3 数据标准化处理及统计分析

对2个质量性状花旗瓣色和花翼瓣色分别予以赋值(表2),分析各个性状的变异系数(CV, coefficient of variation)、遗传多样性指数(I , Shannon index)和频率分布;对数量性状进行10级分类处理:1级 $< X - 2s$, 10级 $\geq X + 2s$, 中间每隔0.5s为1级, X 为平均值, s 为标准差^[17]。试验数据采用SPSS 22.0软件计算性状的平均值(X)、标准差(s)和变异系数^[18]。根据质量性状的赋值和数量性状的分级,利用Popgene 1.32软件计算遗传多样性指数。主成分分析(PCA, principal component analysis)和聚类分析(CA, cluster analysis)在SPSS 22.0软件中完成,其中聚类方法采用离差平方和法(Ward's method),种质间遗传距离为欧氏距离^[19]。

2 结果与分析

2.1 豌豆种质资源农艺性状的多样性分析

对271份豌豆种质资源9个农艺性状的调查结果表明,不同性状在不同种质间表现出较大差异,变异丰富。

参试资源的2个质量性状共有5个变异类型

表3 质量性状的变异参数及遗传多样性分析

Table 3 The variation parameter and genetic diversity of qualitative traits

| 性状 Traits | 最小值 Min. | 最大值 Max. | 平均值 Mean | 标准差 SD | 变异系数(%) CV | 遗传多样性 指数 I | 频率分布(%) Ratio of distribution | | |
|--------------|-------------|-------------|-------------|-----------|---------------|--------------------|----------------------------------|-------|-------|
| | | | | | | | 1 | 2 | 3 |
| 花旗瓣色 CS | 1 | 3 | 1.816 | 0.975 | 53.715 | 0.7549 | 58.30 | 1.85 | 39.85 |
| 花翼瓣色 CW | 1 | 2 | 1.402 | 0.491 | 35.034 | 0.6739 | 59.78 | 40.22 | |
| 平均 Mean | - | - | - | - | 44.375 | 0.7144 | | | |

对参试资源的7个数量性状进行分析结果表明(表4),平均变异系数45.763%,平均遗传多样性指数1.8904。其中变异系数以小区产量最高(64.874%),变异幅度0~246g;其次为百粒重(61.870%),变异幅度0~86g;主茎节数最低(24.531%),变异幅度1~26。变异系数排序为:小区产量>百粒重>单株分枝数>单分枝荚数>始荚节位>株高>主茎节数。在遗传多样性指数方面,

(表3)。其中花旗瓣色,白色占参试资源的58.30%,紫色占39.85%,粉色占1.85%;花翼瓣色,白色占59.78%,粉色占40.22%。2个质量性状的平均变异系数44.375%,平均遗传多样性指数0.7144。其中,花旗瓣色变异系数较高(53.715%),花翼瓣色的变异系数较低(35.034%);同样,花旗瓣色的遗传多样性指数也较高,为0.7549(表3)。

表2 豌豆种质资源鉴定项目及标准

Table 2 The main morphological characters and their criterion for pea resources

| 序号 Code | 形态性状 Morphological characters | 记载标准 Criterion |
|------------|-------------------------------------|------------------------|
| 1 | 株高 PH | 成熟期主茎子叶节至植株顶端的高度 |
| 2 | 单株分枝数 NPB | 成熟期主茎上的一级有效分枝数 |
| 3 | 主茎节数 NNMS | 成熟期主茎子叶节到植株顶端的节数 |
| 4 | 始荚节位 FFN | 成熟期主茎上最下部的荚所在的节位 |
| 5 | 单分枝荚数 NPFs | 主茎上着生的荚数 |
| 6 | 小区产量 SWP | 小区内成熟期植株上的干子粒重量 |
| 7 | 百粒重 HSW | 100粒成熟干子粒的重量 |
| 8 | 花旗瓣色 CS | 1 = 白色, 2 = 粉色, 3 = 紫色 |
| 9 | 花翼瓣色 CW | 1 = 白色, 2 = 粉色 |

PH: Plant height, NPB: Number of primary branch, NNMS: Nods number of the main stem, FFN: First fruiting nodes, NPFN: Number of pods per fruiting stem, SWP: Seed weight per plot, HSW: 100-seed weight, CS: Color of standard petal of the flower, CW: Color of wings petal of the flower, the same as below

始荚节位的最高(2.0590),单株分枝数的最低(1.3321)。遗传多样性指数排序为:始荚节位>主茎节数>株高>单分枝荚数>小区产量>百粒重>单株分枝数。变异系数的高低和遗传多样性指数的大小不具有统一性,如单株分枝数的遗传多样性最低(1.3321),但变异系数较高(56.674%);主茎节数的变异系数最低(24.531%),但遗传多样性指数较高(2.0421)。

表 4 数量性状变异参数

Table 4 The variation parameter of quantitative traits

| 性状 Traits | 最小值 Min. | 最大值 Max. | 平均值 Mean | 标准差 SD | 变异系数(%) CV | 遗传多样性指数 I |
|--------------|-------------|-------------|-------------|-----------|---------------|--------------|
| 株高(cm)PH | 11 | 210 | 121.14 | 35.954 | 29.680 | 2.0061 |
| 单株分枝数 NPB | 2 | 40 | 4.36 | 2.471 | 56.674 | 1.3321 |
| 主茎节数 NNMS | 1 | 26 | 16.20 | 3.974 | 24.531 | 2.0421 |
| 始荚节位 FFN | 2 | 21 | 9.73 | 3.558 | 36.567 | 2.0590 |
| 单分枝荚数 NPFS | 1 | 22 | 7.76 | 3.581 | 46.147 | 2.0034 |
| 小区产量(g)SWP | 0 | 246 | 78.92 | 51.198 | 64.874 | 1.9670 |
| 百粒重(g)HSW | 0 | 86 | 11.26 | 6.963 | 61.870 | 1.8230 |
| 平均 Mean | — | — | — | — | 45.763 | 1.8904 |

对质量性状和数量性状数据的统计分析结果表明,国外豌豆种质资源具有丰富的遗传变异。参试资源各种农艺性状相差较大,具有较高的改良空间,为我国豌豆新品种的选育提供了优异的种质基础。对某些高产优质且在我国具有良好适应性的种质资源,可以直接引进推广,提高国内豌豆的产量和质量,增加农民收入。

2.2 豌豆种质资源农艺性状的主成分分析

对参试资源株高等 7 个数量性状采用 SPSS 22.0 软件进行主成分分析,结果表明(表 5)主要信息集中在前 3 个主成分中,累计贡献率 66.021%。

表 5 豌豆种质资源主要农艺性状的主成分分析

Table 5 The principal components of pea germplasm resources by analysis of main agronomic traits

| 性状 Traits | 因子 1 Factor 1 | 因子 2 Factor 2 | 因子 3 Factor 3 |
|--------------|------------------|------------------|------------------|
| 株高 PH | 0.772 | 0.180 | 0.123 |
| 单株分枝数 NPB | 0.166 | -0.311 | 0.819 |
| 主茎节数 NNMS | 0.899 | 0.007 | -0.146 |
| 始荚节位 FFN | 0.802 | -0.316 | -0.271 |
| 单分枝荚数 NPFS | 0.180 | 0.647 | 0.156 |
| 小区产量 SWP | 0.159 | 0.720 | 0.309 |
| 百粒重 HSW | -0.129 | 0.552 | -0.318 |
| 特征值 E_v | 2.149 | 1.471 | 1.002 |
| 贡献率(%)CR | 30.701 | 21.008 | 14.312 |
| 累计贡献率(%)ACR | 30.701 | 51.709 | 66.021 |

第 1 主成分的特征值 2.149,贡献率 30.701%,特征向量中除了百粒重载荷为负外,其余均为正。载荷较高的性状有主茎节数、始荚节位和株高,特征向量值分别为 0.899、0.802 和 0.772。这 3 个性状与产量呈正相关,因此,在一定的范围内这 3 个性状的数值越大产量越高。单株分枝数、单分枝荚

数和小区产量是载荷为正的性状,但特征向量值较小,因此对产量的影响相对较小。百粒重的性状载荷为负,说明在高产育种中过度追求百粒重是不可取的。

第 2 主成分的特征值 1.471,贡献率 21.008%。第 2 主成分特征向量中符号为正且载荷较高的有小区产量、单分枝荚数和百粒重,特征向量值分别为 0.720、0.647 和 0.552,此类型主要反映种质的产量,随着单分枝荚数增加,和产量相关的始荚节位和单株分枝数性状会相应降低,降低产荚数,从而影响产量,不利于高产。因此,为了获得高产,在育种中要把单分枝荚数控制在一定的范围内。

第 3 主成分的特征值 1.002,贡献率 14.312%。第 3 主成分主要反映单株分枝数,该性状数值的增加会增加小区产量,但同时导致百粒重、始荚节位和主茎节数下降。因此,为了获得高产,在生产中要选择单株分枝数适中的资源。

2.3 豌豆种质资源农艺性状的聚类分析

利用 SPSS 22.0 软件对 271 份参试豌豆种质资源的 7 个数量性状进行聚类分析,以欧式距离为遗传距离,聚类方法采用 Ward 法,在遗传距离为 5 处将参试资源大致分为 4 个类群(图 1),每个类群的份数、构成特点和农艺性状的平均值以及变异系数见表 6。

第 I 类群包括 81 份资源,其主要特征是株高较高(138.83 cm),变异系数最小(14.228%),单分枝荚数变异系数最大(45.209%),百粒重变异系数(42.160%)和始荚节位变异系数(32.865%)次之;主茎节数(17.02),单株分枝数(4.23)、单分枝荚数(8.14)和百粒重(11.73 g)中等,小区产量位居 4 个类群中的第 2 位、变异系数 23.813%。综合各性状可以看出,该类群资源株型紧凑,具有一定增产潜力。主要包括印度 10 份,埃塞俄比亚 7 份,阿富汗和前苏

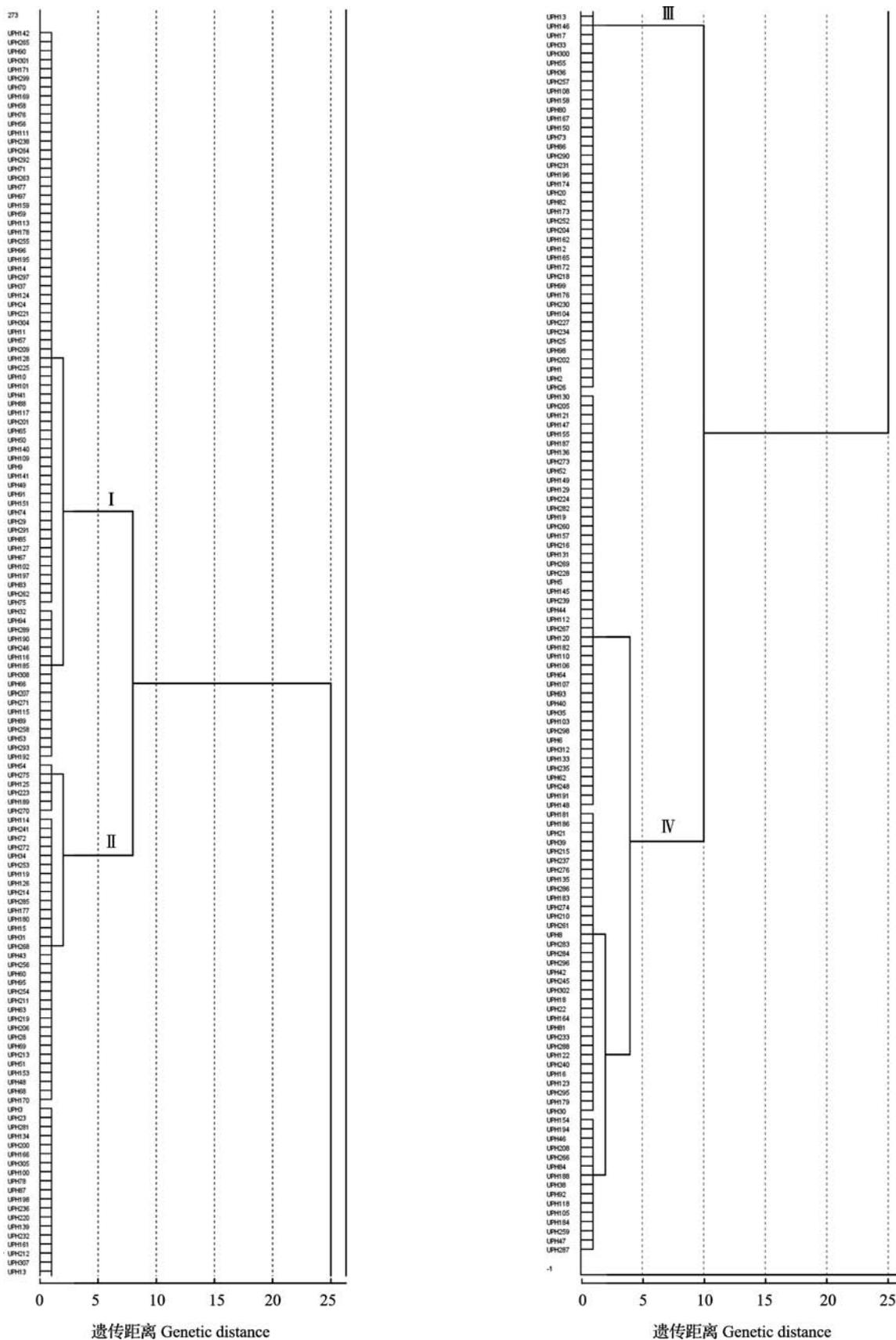


图1 豌豆种质资源基于表型数据的聚类图

Fig.1 Cluster dendrogram of pea germplasm resources based on phenotypic characteristics

表 6 豌豆种质资源各类群数量性状的特征

Table 6 The average and coefficient variation amount of quantitative traits in different germplasm groups of pea

| 性状 Traits | 项目 Item | 种质类群 Germplasms groups | | | |
|--------------|------------|------------------------|--------|--------|--------|
| | | I | II | III | IV |
| | 资源数 Number | 81 | 38 | 59 | 93 |
| 株高(cm)PH | 均值 Mean | 138.83 | 147.37 | 142.95 | 81.18 |
| | 变异系数(%)CV | 14.228 | 10.546 | 16.225 | 29.410 |
| 单株分枝数 NPB | 均值 Mean | 4.23 | 4.26 | 5.10 | 4.06 |
| | 变异系数(%)CV | 25.697 | 22.958 | 93.510 | 32.438 |
| 主茎节数 NNMS | 均值 Mean | 17.02 | 17.13 | 18.25 | 13.68 |
| | 变异系数(%)CV | 20.141 | 20.992 | 18.696 | 26.842 |
| 始荚节位 FFN | 均值 Mean | 10.33 | 9.45 | 11.32 | 8.16 |
| | 变异系数(%)CV | 32.865 | 36.550 | 32.120 | 37.696 |
| 单分枝荚数 NPFS | 均值 Mean | 8.14 | 9.21 | 7.32 | 7.11 |
| | 变异系数(%)CV | 45.209 | 31.238 | 57.377 | 45.260 |
| 小区产量(g)SWP | 均值 Mean | 98.53 | 169.95 | 30.76 | 56.66 |
| | 变异系数(%)CV | 23.813 | 16.604 | 44.371 | 59.481 |
| 百粒重(g)HSW | 均值 Mean | 11.73 | 13.61 | 8.17 | 11.85 |
| | 变异系数(%)CV | 42.160 | 33.423 | 54.323 | 81.108 |

联各 5 份,德国、土耳其和中国内地各 4 份,巴基斯坦、波兰、荷兰、捷克、美国和未知各 3 份,澳大利亚、西班牙、匈牙利、叙利亚和英国各 2 份,巴拉圭、巴西、俄罗斯联邦、厄瓜多尔、芬兰、哥斯达黎加、洪都拉斯、黎巴嫩、墨西哥、尼泊尔、瑞典、危地马拉、委内瑞拉和乌克兰各 1 份。

第 II 类群包括 38 份资源,多为高秆、多分枝种质,株高(147.37 cm)、单分枝荚数(9.21)、百粒重(13.61 g)和小区产量(169.95 g)在 4 个类群中均最高,但这 4 个性状的变异系数在 4 个类群中均最低,分别为 10.546%、31.238%、33.423% 和 16.604%;始荚节位的变异系数最大(36.550%),株高的变异系数最小(10.546%)。综合分析可以看出,该类群属于大粒高产种质。主要包括印度和埃塞俄比亚各 6 份,波兰、德国和土耳其各 2 份,巴西、厄瓜多尔、哥斯达黎加、荷兰、几内亚、捷克、卢旺达、马来西亚、墨西哥、尼泊尔、挪威、日本、泰国、危地马拉、未知、匈牙利、叙利亚、伊朗、英国和中国内地各 1 份。

第 III 类群包括 59 份资源,主要特征是单株分枝数、主茎节数和始荚节位的均值最高,在 4 个类群中居第 1 位;主茎节数和始荚节位的变异系数在 4 个类群中最小,分别为 18.696% 和 32.120%;株高均值较高(142.95 cm),变异系数最低(16.225%),单株分枝数变异系数最大(93.510%);百粒重和小区产量均值在 4 个类群中最小。该类群属于小粒型子粒,产量最低。包括未知 7 份,阿富汗 5 份,德国 5 份,保加利亚、波兰各 4 份,瑞典、土耳其、匈牙利和印度各 3 份,埃塞俄比亚、美国和尼泊尔各 2 份,爱沙尼

亚、巴基斯坦、丹麦、俄罗斯联邦、法国、罗马尼亚、前苏联、希腊、伊朗、意大利、英国和智利各 1 份。

第 IV 类群包括 93 份资源,多为矮秆品种,株高仅 81.18 cm,变异系数 29.410%;单株分枝数、始荚节位和单分枝荚数的均值在 4 个类群中均最小;百粒重的变异系数最大,主茎节数的变异系数最小;小区产量和百粒重的变异系数是 4 个类群中最大。该类群丰产性一般,但株型较矮,有利于筛选携带矮秆基因的优秀品种。包括印度 10 份,荷兰 7 份,英国 7 份,瑞典 6 份,捷克、未知和匈牙利各 5 份,德国 4 份,新西兰 4 份,波兰、法国、芬兰、尼泊尔、西班牙和土耳其各 3 份,阿富汗、丹麦、美国、南斯拉夫、前苏联和希腊各 2 份,埃塞俄比亚、巴基斯坦、加拿大、拉脱维亚、尼日利亚、日本、中国台湾、乌干达、乌克兰和伊朗各 1 份。

通过对各个类群的分析,发现部分来源于同一个国家的种质资源分布在不同的类群,表明聚类结果与种质地理来源不一致。

2.4 不同国家豌豆种质资源群体数量性状分析

对取样大于等于 5 份的 17 个国家的 185 份豌豆种质资源的数量性状进行分析(表 7),其中包括 9 个欧洲国家,6 个亚洲国家,1 个美洲国家,1 个非洲国家。17 个国家的平均变异系数为 39.642%,遗传多样性指数为 1.4544,其中波兰的变异系数最高(56.219%),尼泊尔的变异系数(54.870%)和英国的变异系数(50.279%)较高,巴基斯坦的变异系数(25.510%)最低;印度的遗传多样性指数最高(1.7533),匈牙利(1.6381)、波兰(1.6172)和德国(1.5979)的遗传多样性指数较高,巴基斯坦的遗传多

表 7 豌豆种质资源各群体数量性状的平均表现

Table 7 The average expression of quantitative characters in 17 germplasm groups of pea

| 来源 Origin | 资源数 Number | 株高 PH | 单株分枝数 NPB | 主茎节数 NNMS | 始荚节位 FFN | 单分枝荚数 NPFS | 小区产量 SWP | 百粒重 HSW | 变异系数(%) CV | 遗传多样性指数 <i>I</i> |
|----------------------------|---------------|----------|--------------|--------------|-------------|---------------|-------------|------------|---------------|---------------------|
| 印度 India | 29 | 122.72 | 4.62 | 14.41 | 8.79 | 7.34 | 92.14 | 10.07 | 37.182 | 1.7533 |
| 埃塞俄比亚 Ethiopia | 16 | 132.50 | 4.37 | 16.75 | 9.44 | 8.19 | 125.25 | 9.25 | 28.346 | 1.5014 |
| 德国 Germany | 15 | 133.20 | 4.53 | 16.27 | 10.07 | 8.13 | 76.40 | 10.33 | 39.415 | 1.5979 |
| 阿富汗 Afghanistan | 12 | 133.33 | 4.67 | 18.33 | 10.75 | 8.25 | 56.25 | 4.33 | 36.912 | 1.4643 |
| 波兰 Poland | 12 | 125.83 | 7.17 | 15.92 | 10.33 | 6.50 | 78.83 | 10.58 | 56.219 | 1.6172 |
| 土耳其 Turkey | 12 | 128.75 | 4.58 | 18.25 | 11.17 | 8.67 | 83.92 | 10.83 | 30.562 | 1.4247 |
| 荷兰 Netherlands | 11 | 95.00 | 3.55 | 14.09 | 7.82 | 6.64 | 59.18 | 14.00 | 39.988 | 1.3612 |
| 匈牙利 Hungary | 11 | 105.45 | 4.09 | 14.36 | 8.82 | 6.45 | 75.73 | 14.00 | 47.094 | 1.6381 |
| 英国 United Kingdom | 11 | 108.18 | 3.64 | 17.82 | 11.55 | 7.64 | 57.55 | 19.18 | 50.279 | 1.5198 |
| 瑞典 Sweden | 10 | 98.00 | 3.90 | 15.10 | 9.60 | 7.20 | 57.90 | 13.00 | 34.984 | 1.4298 |
| 捷克 Czech Republic | 9 | 99.00 | 4.11 | 14.56 | 7.56 | 10.33 | 92.00 | 12.67 | 38.050 | 1.4956 |
| 前苏联 Former Soviet Union | 8 | 128.13 | 4.13 | 19.38 | 11.88 | 7.13 | 74.63 | 9.88 | 35.670 | 1.3846 |
| 美国 United States | 7 | 121.00 | 4.29 | 14.71 | 8.43 | 8.29 | 58.43 | 15.29 | 43.572 | 1.4032 |
| 尼泊尔 Nepal | 7 | 107.14 | 4.57 | 15.14 | 9.71 | 6.00 | 72.57 | 7.43 | 54.870 | 1.5002 |
| 巴基斯坦 Pakistan | 5 | 136.00 | 4.00 | 17.60 | 13.00 | 5.60 | 82.80 | 8.00 | 25.510 | 0.9685 |
| 西班牙 Spain | 5 | 110.00 | 4.20 | 12.80 | 7.80 | 5.40 | 77.80 | 14.00 | 40.023 | 1.2926 |
| 中国内地 China | 5 | 140.00 | 4.40 | 19.00 | 11.20 | 9.00 | 98.00 | 10.60 | 35.240 | 1.3718 |
| 平均 Mean | | 119.07 | 4.40 | 16.15 | 9.88 | 7.46 | 77.61 | 11.38 | 39.642 | 1.4544 |

多样性指数(0.9685)最低,表明巴基斯坦的种质资源农艺性状单一,多样性较低。来源于印度的种质资源数目最多,但变异系数不是最高。

对各个国家的数量性状数据进行详细分析发现:印度的资源数最多,株高较高,单株分枝数中等,主茎节数较少,始荚节位较小,单分枝荚数较少,百粒重较低,较高,多为高秆、小粒型种质;埃塞俄比亚种质株高较高,单株分枝数较少,主茎节数、始荚节位和单分枝荚数中等,百粒重较低,但小区产量最高,多为丰产型种质;德国和阿富汗的资源在百粒重上相差较大,阿富汗的百粒重在 17 个国家中最低,但德国的百粒重较高,其他性状相似,基本处于中等水平;波兰和土耳其的种质在单株分枝数上差别较大,分别为 7.17 和 4.58,波兰的最大,土耳其的中等,其他性状基本一致;荷兰的资源株高最矮,单株分枝数最小主茎节数、始荚节位、单分枝荚数和小区产量都较小,百粒重较高,大多属于矮秆大粒型种质;匈牙利和瑞典的资源百粒重较高,但其他 6 个性状的数值均较低,属于紧凑、矮秆、大粒型种质;英国的资源百粒重最大,但小区产量最低,属于低产型种质;捷克的资源单分枝荚数最高,达到 10.33,但始荚节位最低,株高、单株分枝数和主茎节数较低,百粒重和小区产量中等,生产水平一般;前苏联的资源主茎节数最高,株高和始荚节位高于平均值,其他性状的数值均低于平均值,属于高秆小粒型种质;美国的资源百粒重较高,但小区产量较低,属于大粒低产型种质;尼泊尔的资源各个性状的数值除单株分枝数外均低于平均值,是一类低产型种质;巴基斯坦种质的始荚节位最高,株高较高,但单株分枝数、单分枝荚数和百粒重较低,产量一般;西班牙种质的主茎节数和单分枝荚数最低,但百粒重较高,属于大粒型种质;中国内地的资源株高最大,主茎节数、始荚节位和单分枝荚数较高,产量中等,属于高秆小粒型种质。

对 17 个国家和地区的数量性状数据进行聚类分析(图 2),结果表明,在遗传距离为 10 时,17 个国家划分为 3 个组群。其中组群 I 包括荷兰、瑞典、美国、英国、西班牙、匈牙利、尼泊尔和捷克;阿富汗和波兰属于组群 II;其他国家属于组群 III。在遗传距离为 5 处进一步分割,组群 I 下又分成 2 个亚组群,亚组群 I-1 包括荷兰、瑞典、美国和英国,亚组群 I-2 包括西班牙、匈牙利、尼泊尔和捷克;同样,组群 III 下又分成 2 个亚组群,亚组群 III-1 包括德国、前苏联、巴基斯坦、土耳其、印度和中国内地,亚组群 III-2 仅由埃塞俄比亚资源组成。聚类图显示,亚组

群 I-1 包括 3 个欧洲资源和 1 个美洲资源(美国),亚组群 I-2 包括 3 个欧洲资源和 1 个亚洲资源(尼泊尔),亚组群 III-1 包括 4 个亚洲资源和 2 个欧洲资源(德国和前苏联),非洲资源埃塞俄比亚单独在一个亚群,表明洲际之间在组群中相互渗透。

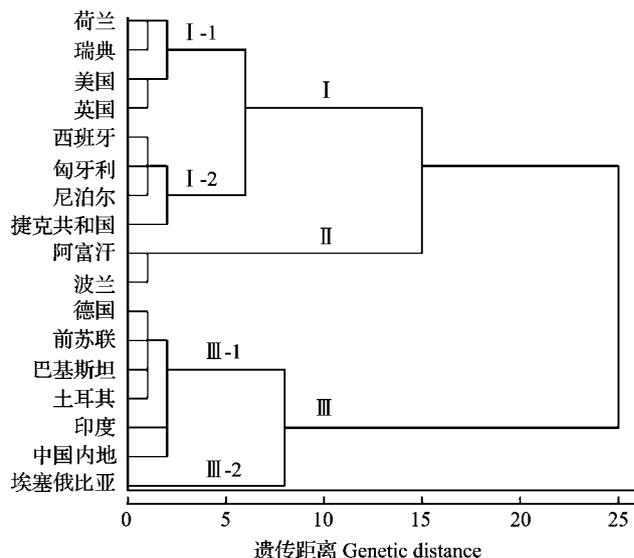


图 2 17 个群体数量性状聚类图

Fig 2 Cluster dendrogram of 17 germplasm groups based on quantitative characters

3 讨论

3.1 271 份豌豆种质资源的遗传多样性

豌豆种质资源改良的关键是种质资源的有效利用,农艺性状的鉴定和描述是研究种质资源最基本的方法和途径^[20]。通过对五大洲 57 个国家和地区 271 份豌豆种质资源 9 个农艺性状遗传多样性的分析,发现国外种质资源具有丰富的遗传变异。其中,性状变异系数最大的是小区产量,其次是百粒重;遗传多样性指数最高的是始荚节位,其次是主茎节数。质量性状的变异系数较高,但遗传多样性指数较低,这与遗传特性有关。由此可以看出,充分利用国外种质资源,将有效拓宽我国豌豆育种的遗传背景,为我国豌豆种质资源改良和育种奠定基础。

对株高等 7 个数量性状进行主成分分析,其中前 3 个主成分的累积贡献率为 66.021%,反映了 7 个性状的主要信息,3 个主成分包含的性状信息具有一定的相关性。根据各主成分载荷值的大小,可将 3 个主成分划分为两类,因子 1 和因子 3 是一类,反映植株的分枝状况,与产量之间有间接关系;因子 2 是另一类,代表的性状与产量之间有直接的关系。因此,可以利用这两类因子对豌豆种质的综合性状

进行优劣评价^[8]。

对 271 份种质资源的 7 个数量性状进行聚类分析,将性状相似的聚为一类,共分为 4 大类群,各个类群之间差异明显。通过聚类,初步明确了参试豌豆种质资源的不同类型,其中第 II 类群属于高秆、大粒、高产种质,具有很高的丰产潜力,为我国杂交育种亲本选择提供了原材料。通过对各个类群的分析,发现部分来源于同一个国家的种质资源分布在不同的类群,表明聚类结果与种质的地理来源没有明显的关联性,这与王丽侠等^[21]和 K. Gemechu 等^[11]的研究结果是一致的。因此,育种亲本的选择不仅要根据地理来源,还应根据其遗传多样性。对 17 个国家和地区的豌豆种质的数量性状进行分析,结果表明,各个国家和地区的变异系数和遗传多样性指数均较高。印度的遗传多样性指数最高(1.7533),且印度的资源数最多,表明印度的资源具有丰富的遗传变异,这与地理环境、气候环境以及资源本身的遗传性有关。来源地不同,遗传多样性指数差异明显,这对豌豆种质资源改良和育种有重要意义^[22]。通过人工杂交,可以拓宽抗病育种的遗传基础,提高产量。将 17 个国家和地区进行聚类分析,发现在遗传距离为 10 时,分为 3 大类群,在遗传距离为 5 处进一步分割,组群 I 下又分成亚组群 I-1 和亚组群 I-2,组群 III 下又分成亚组群 III-1 和亚组群 III-2。聚类图显示,亚组群 I-1 包括 3 个欧洲资源和 1 个美洲资源(美国),亚组群 I-2 包括 3 个欧洲资源和 1 个亚洲资源(尼泊尔),亚组群 III-1 包括 4 个亚洲资源和 2 个欧洲资源(德国和前苏联),非洲资源埃塞俄比亚单独在一个亚群,表明洲际之间在组群中相互渗透。产生这种结果的原因可能有以下几个方面:地理来源相同的资源虽然来源于同一环境,但是由于选择方向的不同和选用育种资源的错综复杂,也可能形成遗传差异较大的类型,因此出现地理来源相同的品种被归入不同类群;受环境改变作用的影响,物种在长期适应环境的过程中会出现某些性状趋同的现象,造成不同物种性状间的交叉^[10];一般认为豌豆栽培种起源于土耳其和伊朗一带,但是近代欧洲、美洲、亚洲、澳洲和俄罗斯之间相互交换品种,这种交互导致基因在世界各个洲之间相互渗透^[23]。因此,在豌豆育种选配新本时不仅要考虑地理来源,还应考虑类群归属。

3.2 豌豆种质资源遗传多样性的分析方法

形态学标记研究即植物外部性状的研究,它是检测遗传变异最传统、最直观的方法。形态特征是环境和遗传综合作用的结果。长期以来,形态学标

记广泛应用于植物的种质资源鉴定、分类、育种材料选择以及遗传多样性研究等方面,但有一定的局限性。随着现代分子生物学技术的发展,分子标记技术已成为研究植物遗传多样性的重要手段^[24]。两种技术有效的结合必将为豌豆种质资源的遗传改良发挥不可替代的作用。

参考文献

- [1] 林汝法,柴岩,廖琴,等.中国小杂粮[M].北京:中国农业科学技术出版社,2005:317-319
- [2] 贺晨帮,宗绪晓.豌豆种质资源形态标记遗传多样性分析[J].植物遗传资源学报,2011,12(1):42-48
- [3] Smykal P, Aubert G, Burstin J, et al. Pea (*Pisum sativum* L.) in the genomic era [J]. *Agronomy*, 2012, 2: 74-115
- [4] 郑卓杰,王述民,宗绪晓.中国食用豆类学[M].北京:中国农业出版社,1997:88-127
- [5] Li L, Redden R J, Zong X X, et al. Ecogeographic analysis of pea collection sites from China to determine potential sites with abiotic stresses [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2013, 60: 1801-1815
- [6] FAOSTAT. Production of top 5 producers. (2015-10-25) [2014-10-13]. <http://faostat3.fao.org/>.
- [7] 王仲怡,付海宁,孙素丽,等.豌豆品系 X9002 抗白粉病基因鉴定[J].作物学报,2015,41(4):515-523
- [8] 乔玲,陈红霖,王丽侠,等.国外绿豆种质资源农艺性状的遗传多样性分析[J].植物遗传资源学报,2015,16(5):986-993
- [9] 王丽侠,程须珍,王素华,等.绿豆种质资源、育种及遗传研究进展[J].中国农业科学,2009,42(5):1519-1527
- [10] 曾亮,李敏权,杨晓明.豌豆属种质资源遗传多样性的 ISSR 分析[J].草业学报,2012,21(3):125-131
- [11] Gemechu K, Mussa J, Tezera W, et al. Extent and pattern of genetic diversity for morpho-agronomic traits in Ethiopian high land pulse land races: Field pea (*Pisum sativum* L.) [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2005, 52: 539-549
- [12] 裴鑫德.多元统计分析及其应用[M].北京:北京农业大学出版社,1990:213-235
- [13] 张逸鸣,李英慧,郑桂萍,等.吉林省大豆育成品种的遗传多样性特点分析[J].植物遗传资源学报,2007,8(4):456-463
- [14] 刘玉皎,宗绪晓.青海蚕豆种质资源形态多样性分析[J].植物遗传资源学报,2008,9(1):79-83
- [15] 彭芹,戴双,郭赛欢,等.1950 年以来山东省主推小麦品种的遗传多样性演变[J].分子植物育种,2012,10(2):228-237
- [16] 宗绪晓,王志刚,关建平.豌豆种质资源描述规范和数据标准[M].北京:中国农业出版社,2005:19-30
- [17] 李鸿雁.扁蓊豆种质资源遗传多样性的研究[D].呼和浩特:内蒙古农业大学,2008
- [18] 马育华.植物育种的量遗传学基础[M].南京:江苏科技出版社,1996:98-107
- [19] 聂石辉,彭琳,王仙,等.鹰嘴豆种质资源农艺性状遗传多样性分析[J].植物遗传资源学报,2015,16(1):64-70
- [20] 刘金,关建平,徐东旭,等.小扁豆种质资源形态标记遗传多样性分析[J].植物遗传资源学报,2008,9(2):173-179
- [21] 王丽侠,程须珍,王素华,等.中国绿豆核心种质资源在不同环境下的表型变异及生态适应性评价[J].作物学报,2014,40(4):739-744
- [22] 宗绪晓,关建平,王述民,等.国外栽培豌豆遗传多样性分析及核心种质构建[J].作物学报,2008,34(9):1518-1528
- [23] Ambrose M J. From Near East center of origin, the prized pea migrates throughout world [J]. *Diversity*, 1995, 11: 118
- [24] 宗绪晓,关建平,顾竞,等.中国和国际豌豆核心种质群体结构与遗传多样性差异分析[J].植物遗传资源学报,2009,10(3):347-353