

中俄茄子种质资源遗传多样性研究

齐东霞¹, 张映¹, 刘富中¹, A. Artemyeva², I. Gashkova²

(¹中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081; ²俄罗斯全俄瓦维洛夫植物栽培研究所, 俄罗斯圣彼得堡 190000)

摘要: 利用 25 对 SSR 分子标记和 24 个表型性状对 105 份中俄茄子材料进行遗传多样性分析。表型变异分析结果表明: 24 个表型性状在中俄材料间均表现出了不同程度的多样性, 但是同一性状在中俄材料中多样性不同; 主成分分析可将 24 个表型性状概括为果形因子、颜色因子、果实外观因子、叶片形态因子、果萼刺和花药条纹 6 个指标, 其中果实特征占主要成分; 利用 UPGMA 法进行聚类, 遗传相似系数在 0.4~0.8 之间, 平均值 0.6。25 对多态性 SSR 标记, 扩增出 122 个条带, 含有等位基因 82 个, 其中有效等位数 24.8 个, *PIC* 值为 0.3~0.7。分子聚类的遗传相似系数在 0.5~1 之间, 平均值是 0.7。表型聚类和分子标记聚类的结果相似, 105 份茄子种质资源间的类群划分与地理来源之间没有直接关系, 但与茄子的果实性状有一定的相关性。

关键词: 茄子; 表型性状; SSR 标记; 多态性

Genetic Diversity among Chinese and Russian Eggplant (*Solanum melongena*) Germplasm Resources

QI Dong-xia¹, ZHANG Ying¹, LIU Fu-zhong¹, A. Artemyeva², I. Gashkova²

(¹Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081;

²N. I. Vavilov All-Russian Research Institute of Plant Industry, St. Petersburg Russia 190000)

Abstract: 105 accessions of eggplant germplasm from China and Russia were evaluated for genetic diversity using 24 morphological traits and 25 SSR markers. Morphological variation analysis showed that 24 traits showed various degrees of diversity in all the germplasm resources, and the same trait differentiated between Russian and Chinese germplasm. Principal component analysis showed that 24 traits can be summarized as 6 factors, including fruit shape factor, color factor, fruit appearance factor, leaf shape factor, fruit calyx spines and anther stripes, and fruit characteristics accounted for the major component. Morphological traits UPGMA clustering analysis showed that the genetic similarity coefficient among those materials ranged from 0.4 to 0.8 with the mean value as 0.6. Twenty-five polymorphic SSR markers showed polymorphisms among the tested germplasm resources. A total of 122 bands were amplified using the 25 markers in 105 accessions, containing 82 alleles, among which 24.8 were effective alleles. The polymorphism information content (*PIC*) value ranged from 0.3 to 0.7. Molecular UPGMA clustering analysis showed that genetic similarity coefficient ranged from 0.5 to 1 with the mean value of 0.7. The clustering results obtained from morphological traits and SSR maker were similar. The clustering results of tested eggplant germplasm did not showed clear correlation to their geographic origin, but the fruit traits had some relation to clustering results.

Key words: eggplant; phenotypic characters; SSR markers; genetic diversity

收稿日期: 2016-09-01 修回日期: 2016-10-23 网络出版日期: 2017-04-17

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20170417.0906.026.html>

基金项目: 国家重点研发计划 (2016YFD0100204); 中国农业科学院科技创新工程 (CAAS-ASTIP-IVFCAAS); 科技部国家合作项目 (2010DFA32350); 农业部园艺作物生物学与种质创制重点实验室项目

第一作者研究方向为蔬菜遗传育种。E-mail: 2009qdx@sina.com; 张映为共同第一作者

通信作者: 刘富中, 研究方向为蔬菜遗传育种。E-mail: lfzcaas@126.com

茄子 (*Solanum melongena* L.) 属于茄科 (*Solanaceae*) 茄属 (*Solanum* L.), 起源于亚洲东南热带地区, 古印度为最早驯化地, 中国是茄子的第 2 起源地, 栽培历史悠久, 品种繁多, 是我国主要蔬菜作物之一。丰富的种质资源是茄子种质创制、遗传改良和品种选育的基础。研究表明, 栽培种茄子种质资源遗传相似性高, 遗传基础狭窄^[1-5]。俄罗斯高纬度的地理特点决定了其基因资源具有耐冷、耐低温、耐弱光等优异基因, 形成了与我国基因资源的明显差异。因此, 引进俄罗斯茄子种质资源, 并对其进行鉴定评价, 利于突破茄子种质创新及育种中基因资源匮乏的瓶颈制约。

目前茄子遗传多样性的研究主要有形态标记法、细胞学标记法、生化标记法和分子标记法。形态学标记简单直观易于观察记录, 是茄子种质资源鉴定评价最常用的方法^[5]。而从分子水平上分析资源的亲缘关系, 可以避免育种过程中选用核心种质时出现遗传背景狭窄的问题, 减少育种过程中亲本选配的盲目性, 提高育种效率。近年来, 茄子分子标记的开发和应用取得了较好进展, 并应用于其种质资源遗传多样性研究^[2,6]。用于茄子遗传多样性研究的标记主要有 RFLP^[7]、RAPD^[8-9]、AFLP^[10-11]、SRAP^[12-13]、SSR^[9] 和 ISSR^[14]。其中, 微卫星标记 (Microsatellite) 又称为简单序列重复 (SSR, simple sequence repeat), 具有多态性丰富、重复性好、检测方便、共显性遗传、在细胞器和基因组以及染色体特定位点广泛分布、可实现自动化和高的基因分型等特点^[15-16], 目前在茄子^[3,17-18]、番茄^[19-22]、辣椒^[23-25]、烟草^[26-28] 和马铃薯^[29-30] 等茄科作物的遗传育种中应用广泛。

已有的茄子资源遗传多样性研究主要局限于地域内资源, 栽培茄与野生近缘种的比较^[2-6,10], 尚未见俄罗斯和中国两种生态条件下茄子种质资源遗传多样性的研究。本研究从形态学和分子水平上对从俄罗斯引进的 39 份栽培种茄子及来自中国各地 66 份栽培种茄子的遗传多样性和亲缘关系进行比较分析, 以期对茄子优异种质资源的引进、鉴定和遗传育种研究提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试 105 份茄子材料中, 1~66 号材料来自中国, 67~105 号材料引自俄罗斯 (表 1)。选取 T. Nunome 等^[31] 开发的 236 对 SSR 引物, 覆盖了茄子的

12 条染色体, 并由上海生物工程技术服务有限公司合成。

1.2 方法

1.2.1 田间表型性状调查 供试材料于 2014 年春季种植于中国农业科学院蔬菜花卉研究所廊坊试验基地露地, 每份材料种植 14 株, 田间管理按照常规方法统一进行。茄子以嫩果为食用果, 表型性状评价以果实为主, 因此本研究主要选取果实和花等相关的 24 个表型性状, 按照《茄子种质资源描述规范和数据标准》进行调查^[32], 每份材料调查 5 株。

1.2.2 基因组 DNA 提取和检测 取茄子新鲜叶片, 参照改良 CTAB 法提取基因组 DNA, 并用 1% 的琼脂糖凝胶电泳和紫外分光光度计检测 DNA 浓度和纯度, -20 °C 保存备用。

1.2.3 PCR 扩增和标记筛选 从 105 份供试材料中选取 5 份表型差异较大的材料对 236 对 SSR 引物进行筛选, 选取条带清晰且有差异性的引物进行群体检测。反应体系为 10 μ L, 包含模板 DNA 2 μ L, 浓度在 80~120 ng/ μ L 之间, 引物为 0.25 μ L, Green Master Mix 5 μ L, ddH₂O 2.5 μ L。PCR 扩增条件为: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 30 s, 55 °C 复性 30 s, 72 °C 延伸 40 s, 35 个循环; 最后 72 °C 延伸 8 min, 16 °C 保存。PCR 扩增结果采用 20% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳检测。

1.3 数据统计和分析

对表型数据进行标准化处理, 采用 Excel 2010 和 SPSS 19.0 软件进行表型性状的变异分析和主成分分析, 采用 NTSYS-pc 2.10 分析软件计算遗传相似系数, 用非加权类平均法 (UPGMA, unweighted pair-group method using arithmetic averages) 进行聚类分析, 并绘制树状聚类图。

采用 PowerMarkerV3.25 软件分析标记在供试材料中扩增的条带数、等位基因数、有效等位基因数、基因型多样性和标记多态性信息含量。

2 结果与分析

2.1 基于表型性状的遗传多样性分析

2.1.1 变异分析 105 份茄子种质资源的 24 个表型性状的变异系数 (CV) 如表 2 所示。66 份中国材料各性状的平均变异系数为 50.0%; 其中果面斑纹的变异系数最大, 为 335.8%; 其次为果面棱沟、果萼刺、果形、果形指数和果面光泽, 分别为 159.8%、81.2%、68.4%、62.9% 和 59.4%; 花冠色的最小, 为 5.3%; 而叶刺和花药条纹在 66 份材料中无差异。

表 1 供试茄子种质资源

Table 1 The samples of eggplant

编号 Code	名称 Name	来源 Origin	编号 Code	名称 Name	来源 Origin	编号 Code	名称 Name	来源 Origin
1	06-36-1	中国北京	36	06-132-1	中国云南	71	13-30-1	俄罗斯
2	06-801	中国北京	37	06-135	中国辽宁	72	13-30-3	俄罗斯
3	08-702	中国山东	38	07-123	中国四川	73	13-31-1	俄罗斯
4	12cp8	中国北京	39	07-129	中国北京	74	11-423-1	俄罗斯
5	06-806w	中国北京	40	07-131	中国山东	75	13-34-1	俄罗斯
6	07-730	中国北京	41	08-220-1	中国内蒙古	76	13-35-1	俄罗斯
7	07-33-1	中国北京	42	07-106	中国北京	77	13-35-3	俄罗斯
8	09CP38	中国天津	43	07-108	中国黑龙江	78	13-36-2	俄罗斯
9	09CP39-1	中国天津	44	07-339-1	中国重庆	79	13-37-2	俄罗斯
10	06-282-2	中国河北	45	07-345-2	中国四川	80	13-40-1	俄罗斯
11	06-68-1	中国天津	46	07-347-1	中国江苏	81	13-41-1	俄罗斯
12	06-46-1	中国山西	47	07-351-1	中国台湾	82	08-381-1	俄罗斯
13	06-49-1	中国北京	48	07-354-1	中国台湾	83	13-48-1	俄罗斯
14	06-53-1	中国辽宁	49	07-355-1	中国台湾	84	VR921	俄罗斯
15	06-66-2	中国河北	50	05-108-1	中国吉林	85	VR922	俄罗斯
16	07-66	中国河南	51	05-109-1	中国黑龙江	86	VR926	俄罗斯
17	07-73	中国四川	52	05-111-1	中国吉林	87	VR1298	俄罗斯
18	07-722	中国北京	53	05-129-1	中国江苏	88	R1	俄罗斯
19	07-731	中国山东	54	05-130-1A	中国四川	89	R4	俄罗斯
20	09-173-1	中国河北	55	05-131-1	中国贵州	90	R6	俄罗斯
21	07-249-1	中国内蒙古	56	05-137-1	中国山东	91	R18	俄罗斯
22	07-257-1	中国山东	57	05-148-1	中国贵州	92	R31	俄罗斯
23	07-265-1	中国山东	58	05-150-1	中国吉林	93	R32	俄罗斯
24	07-281-1	中国辽宁	59	05-151-1	中国吉林	94	R33	俄罗斯
25	07-282-1	中国内蒙古	60	05-155-1	中国黑龙江	95	R36	俄罗斯
26	07-284-1	中国	61	05-165-1	中国辽宁	96	R38	俄罗斯
27	07-286-1	中国河南	62	09-298-1	中国广东	97	R40	俄罗斯
28	07-102	中国山东	63	09-299-1	中国广东	98	R47	俄罗斯
29	07-101-2	中国山东	64	11-426-1	中国陕西	99	R76	俄罗斯
30	06-95-1	中国辽宁	65	11-436-1	中国陕西	100	R82	俄罗斯
31	06-105-1	中国辽宁	66	897-1 单-1	中国四川	101	R83	俄罗斯
32	06-121-1	中国贵州	67	13-27-1	俄罗斯	102	R84	俄罗斯
33	06-123-1	中国山东	68	13-28-1	俄罗斯	103	R88	俄罗斯
34	06-127-2	中国黑龙江	69	13-28-2	俄罗斯	104	R98	俄罗斯
35	06-128-1	中国吉林	70	13-29-1	俄罗斯	105	R99	俄罗斯

39 份俄罗斯材料各性状的平均变异系数为 66.5% ; 其中果面棱沟的最大, 为 350.9% ; 其次为叶刺、果面斑纹、花药条纹、果萼刺和茎茸毛, 分别为 271.6%、177.3%、161.6%、106.9% 和 61.7% ; 果实弯曲度的最小, 为 6.3%。果面斑纹、果形指数、果形、果实纵径、果实横径、果顶形状和叶缘 7 个性状在中国材料中比俄罗斯材料中变异系数大; 而俄罗斯材料中的叶刺、花药条纹、果萼色、果面棱沟和

叶脉色的变异系数远远大于中国材料, 尤其是叶刺和花药条纹, 在 66 份中国材料中变异系数为 0, 而在俄罗斯的 39 份材料中差异较大。两种生态类型材料的果色、果面光泽、萼下色、始花节位、花柱长度、叶形和叶色 7 个性状的变异程度相似。表明各表型性状在中俄材料间多样性程度不同, 同一性状在中俄材料间多样性也不同, 其中果面斑纹、果面棱沟和果萼刺在中俄材料中均表现出较高的多态性。

表 2 105 个茄子材料表型性状变异分析

Table 2 Coefficient of variation analysis on 105 eggplants

部位 Segment	性状 Traits	变异系数(%) CV	
		中国 China	俄罗斯 Russia
叶部 Leaf segment	叶形	35.3	35.8
	叶色	26.9	28.0
	叶缘	19.4	7.9
	叶脉色	5.8	19.4
茎部 Stem segment	叶刺	0	271.6
	主茎色	21.4	38.3
花部 Flower segment	茎茸毛	42.6	61.7
	花冠色	5.3	8.7
果实 Fruit segment	花柱长度	23.9	21.7
	花药条纹	0	161.6
	始花节位	18.8	12.8
	果实纵径	45.4	24.4
	果实横径	30.4	15.7
	果形指数	62.9	30.9
	果色	20.3	20.2
	果面斑纹	335.8	177.3
	果面棱沟	159.8	350.9
	果面光泽	59.4	59.0
	果顶形状	41.8	33.0
	果形	68.4	23.8
	果实弯曲度	17.0	6.3
	果萼色	16.1	52.3
	萼下色	23.8	27.5
	果萼刺	81.2	106.9

2.1.2 主成分分析 对 105 份材料进行 KMO 和 Bartlett 检验可知, KMO 值为 0.7 (>0.5), 偏相关性很弱; Bartlett 球型检验, 拒绝单位相关阵的原假设 ($P < 0.1\%$), 适于做主成分分析。对俄罗斯的 39 份材料进行 KMO 和 Bartlett 检验, KMO 值为 0.4 (<0.5), 偏相关性较大不适于做主成分分析。而中国的 66 份材料中叶刺和花药条纹两个性状的方差为 0, 无法计算相关系数及其他统计量, 不适合做主成分分析。对 105 份材料主成分分析(表 3)可知, 特征值大于 1 的主成分共有 8 个, 累计方差贡献率为 72.2% ($>70\%$, 可用)。各表型性状在主成分分析中的系数绝对值较大的, 则归于该主成分中。

第 1 主成分贡献率为 21.6%, 可概括为果形因子, 包括果形指数(0.9)、果实纵径(0.9)、果形(0.9)、果顶形状(0.8)、果实横径(-0.7)、果实弯曲度(-0.7)、果面棱沟(-0.6)和始花节位(0.5)。第 2 主成分贡献率为 14.7%, 可概括为茎、叶、萼片的颜色形态因子, 包括果萼色(0.8)、主茎色(0.8)、萼下色(-0.6)、叶色(0.5)和叶脉色(0.5)。第 3 主成分贡献率为 8.9%, 可概括为果实外观形态因子, 包括果面光泽(0.7)、果色(0.6)和果面斑纹

表 3 表型性状的主成分分析

Table 3 Principal component analysis of phenotypic traits for eggplants

性状 Traits	主成分 Principal component							
	1	2	3	4	5	6	7	8
叶形 Leaf shape	0	0	-0.1	0.7	0.1	-0.2	0.2	-0.1
叶色 Leaf color	0.2	0.5	0.4	-0.3	0.3	0.0	-0.1	-0.1
叶缘 Leaf margin	-0.3	0.2	-0.2	0.2	0.1	-0.1	0.3	0.5
叶脉色 Veins color	0.1	0.5	0.0	0.1	-0.2	0.6	0.1	0.1
叶刺 Leaf thorns	0	-0.4	0.2	0.1	0.1	0.5	0.4	-0.2
花冠色 Corolla color	0	0.4	-0.1	0.3	0.4	0.3	0.3	-0.3
花柱长度 Style length	0.4	-0.3	0.1	0.2	-0.1	0.2	-0.1	-0.3
花药条纹 Anther stripes	0	-0.2	0.5	0.2	0.6	0	-0.2	0
主茎色 Main stem color	0.1	0.8	0.1	0.2	0.1	0.2	-0.2	0.1
茎茸毛 Stem hairy	0.2	0.1	0.4	-0.2	-0.5	0.1	0.5	0.1
始花节位 First flower node	0.5	0.4	0.1	-0.4	0.2	-0.2	-0.1	-0.2
果实纵径 Fruit length	0.9	0.1	-0.1	0.1	0	-0.2	0.1	-0.1
果实横径 Fruit diameter	-0.7	0.4	0.1	0	-0.2	-0.1	0	-0.1
果形指数 Fruit shape index	0.9	0	-0.2	0.1	0	-0.1	0.1	0
果色 Fruit color	0.3	0.4	0.6	0.3	-0.1	0	-0.1	0.2
果面斑纹 Fruit surface markings	0	-0.2	-0.5	-0.4	0.2	0.3	0	0
果面棱沟 Fruit surface furrows	-0.6	0.4	-0.2	0.2	-0.1	-0.2	0.2	-0.1
果面光泽 Fruit surface gloss	-0.1	0	0.7	-0.2	-0.1	-0.1	0.2	-0.3
果顶形状 Fruit top shape	0.8	0	-0.1	-0.1	0	0.2	0	0.3
果形 Fruit shape	0.9	0	0	0	-0.1	-0.1	0	0
果实弯曲度 Fruit curvature	-0.7	-0.1	0.1	-0.2	0	0.3	-0.2	0.1
果萼色 Calyx color	0.1	0.8	-0.1	0.1	-0.1	0	-0.1	0
萼下色 Calyx under color	0	-0.6	0.5	0.3	0.1	0.1	-0.1	0.3
果萼刺 Thorn fruit calyx	0	0.1	0.1	-0.3	0.5	-0.2	0.5	0.2
特征值 Eigen values	5.2	3.5	2.1	1.6	1.5	1.2	1.2	1.0
贡献率(%) Percentage	21.6	14.7	8.9	6.7	6.2	5.1	4.9	4.2
累计贡献率(%) Cumulative percentage	21.6	36.3	45.2	51.9	58.1	63.1	68.0	72.2

(-0.5)。第4主成分贡献率6.7%,为叶形(0.7)。第5主成分贡献率为6.2%,包括花药条纹(0.6)、果萼刺(0.5)和茎茸毛(-0.5)。第6主成分贡献率5.1%,为叶刺(0.5)。第7主成分贡献率4.9%,为果萼刺(0.5)。第8主成分为叶缘(0.5),贡献率为4.2%。

以上分析表明,果形指数、果萼色、果面光泽、叶形、花药条纹、叶脉色、果萼刺和叶缘8个性状是主要性状。24个表型性状可概括为果形因子、颜色因

子、果实外观因子、叶片形态因子、果萼刺和花药条纹6个指标,其中果实形态特征占主要成分,其次是叶部、花部和茎秆形态。

2.1.3 聚类分析 原始数据进行标准化处理,采用UPGMA方法对105份材料进行聚类分析,从聚类图(图1)可知,供试材料的遗传相似系数在0.4~0.8之间,平均值是0.6。在遗传相似系数0.47处,供试材料可以分为6类,在遗传相似系数为0.5处,第I类分为3个亚类,第IV类分为2个亚类。

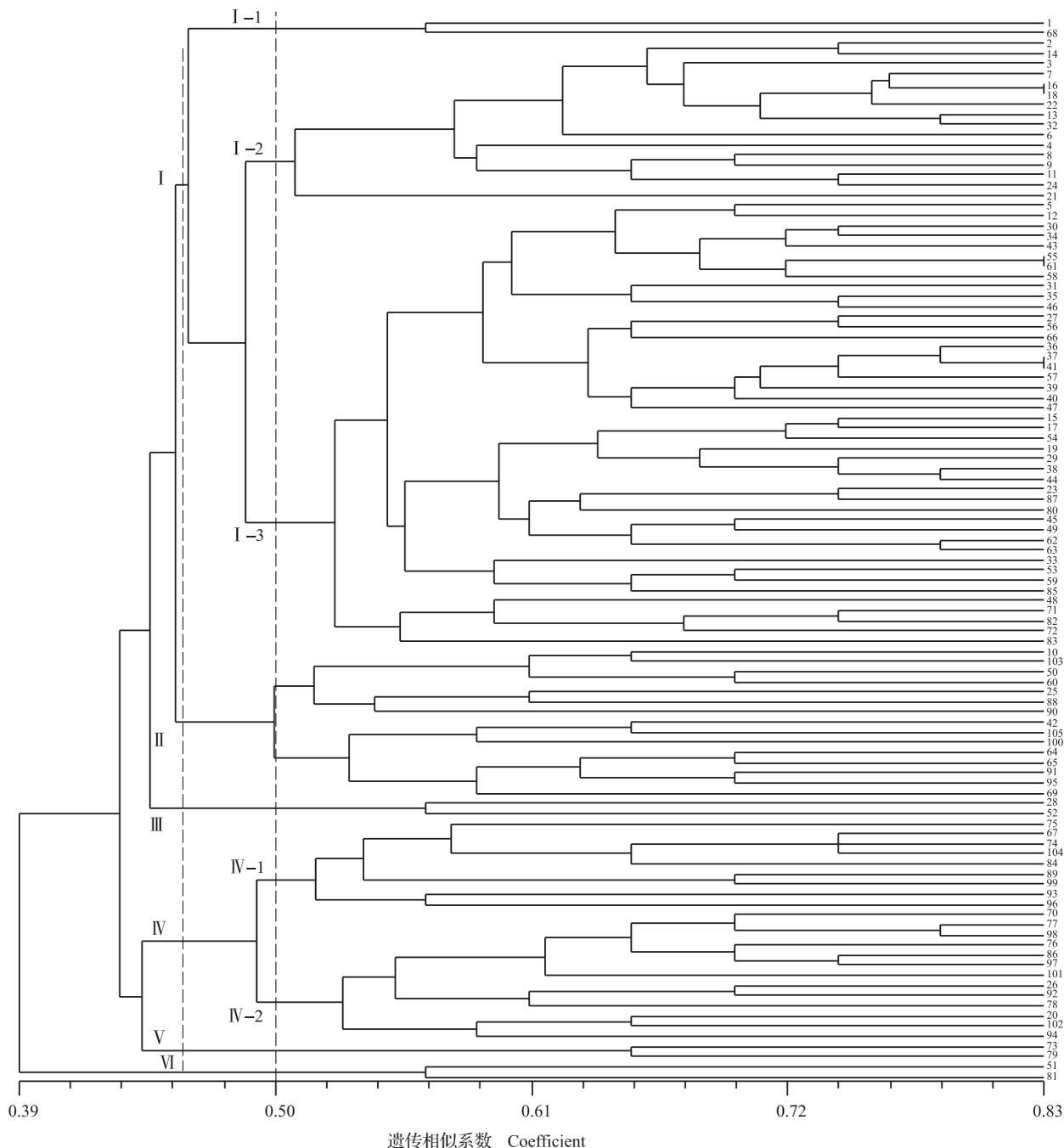


图1 基于105份茄子材料表型性状的UPGMA聚类结果
Fig.1 UPGMA dendrogram based on phenotypic traits of 105 eggplants

第 I 类包含 62 份材料,绝大多数是中国材料,仅有 8 份来源于俄罗斯,比率为 12.9%。其特点是大多数果色为紫色,果萼色为紫色,萼下色为绿色和白色,果面无斑纹。第 I-1 亚类含 2 份材料,编号 1 号和 68 号,均为圆球形,果顶凹陷,果面无棱沟,果萼无刺;第 I-2 亚类的 16 份材料均为中国材料,果实圆形,果顶凹陷,果面有棱沟,且有少量果萼刺;第 I-3 亚类共有 44 份材料,果形有圆形、卵圆形和长条形,60% 以上为长茄,果面无棱,有果萼刺。

第 II 类包含 7 份中国材料和 8 份俄罗斯材料,2 份材料为长茄,其余果实均为卵圆形,果色除 2 份为绿色外,其余为浅红色,萼下色均为绿色,果面无棱,果面斑纹较多,其中编号 69 号材料的果萼刺极多。

第 III 类包含编号 28 号和 52 号 2 份中国长茄材料,果顶凸,果面无光泽,有斑纹,叶缘为锯齿状。

第 IV 类有 22 份材料,其中 20 份为俄罗斯材料,占 91%,编号 20 号和 26 号 2 份中国材料的果实为圆形,其余材料果实均为卵圆形,果萼绿色,萼下紫色,果面无棱,有光泽。第 IV-1 亚类均为俄罗斯材料,茎茸毛多,第 IV-2 亚类有 13 份材料,包含 2 份中国材料。

第 V 类为编号 73 号和 79 号 2 份俄罗斯材料,

均为长茄,果顶平,果面无棱有光泽,果萼刺多。

第 VI 类为编号 51 号和 81 号 2 份材料,分别来自中国、俄罗斯。果实长棒状、果面有棱沟,无光泽,有斑纹。

由聚类结果可以看出,材料没有完全按地理来源分开,与果实性状存在一定的相关性,与主成分分析结果一致,但与表型性状不完全吻合。分别对 66 份中国材料和 39 份俄罗斯材料进行聚类分析,其遗传相似系数均在 0.4~0.8 之间,平均值是 0.6,表明中俄材料均有一定的遗传多样性,但其遗传多样性的差异不大。

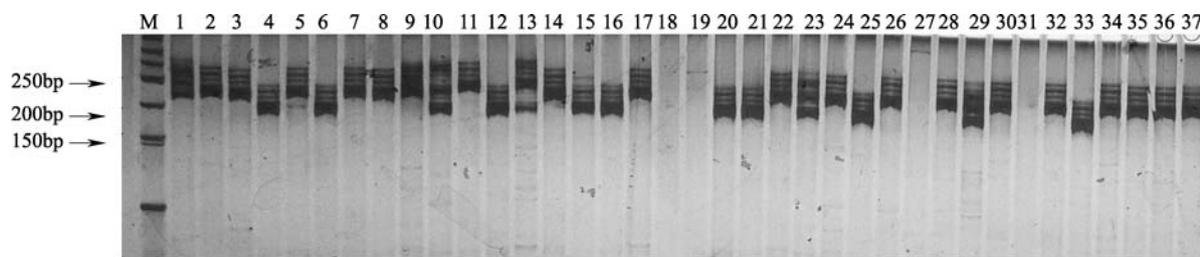
2.2 SSR 多样性分析

2.2.1 标记多态性信息分析 本试验选取 5 个表型差异较大的材料对 236 对 SSR 引物进行筛选,初步筛选出 45 对带型清晰、多态性好的引物,在 105 份材料进行 SSR 扩增,去除扩增效果差、不易统计的引物,最终确定 25 对引物在 105 份材料中进行扩增。通过 PowerMarkerV3.25 软件分析,25 对引物(表 4)在 105 份材料中共扩增出 122 个条带,平均每对引物扩增出 4.9 条,共含有等位基因 82 个,平均每对引物包含 3.3 个等位基因,变幅为 2~5;其中有效等位基因数 24.8 个,平均每对引物 1 个,有效等位基因数比重为 30%(图 2)。

表 4 25 对 SSR 标记多样性数据

Table 4 Genetic diversity data of 25 SSR markers

引物 Primer	条带数 Number of bands	等位基因数 Number of alleles	有效性等位基因数(%) Number of effective alleles	基因型多样性(%) Gene diversity	标记多态性信息含量 (%)PIC
emi02C21	8	4	99	73	68
emh02A04	5	5	100	65	60
emb01D10	6	4	100	63	57
em4_1 a	7	4	100	63	57
eme03H04	7	4	99	59	53
ecm001	11	5	100	56	52
emg11M09	5	4	98	58	50
emh05B02	4	4	99	52	47
em155 a	7	5	98	50	44
emk01I21	6	3	100	51	43
emb01M15	6	4	99	53	43
emg01B17	7	5	99	45	40
emf21C11	5	4	99	40	37
emf21I08	5	4	100	43	37
emf21G22	3	2	99	49	37
em117 a	3	2	98	45	35
emj03E23	3	2	100	44	34
eme25D01	3	2	99	38	31
emf21N03	3	2	98	38	31
emd03C01	3	2	100	36	30
emg11I04	3	2	100	35	29
ecm009	3	2	99	33	28
emh02E08	3	2	100	32	27
emh11E08	2	2	96	31	26
emh11001	4	3	100	27	25



M:Marker,1~37;1~37号材料

M:Marker,1-37;the germplasm resources of 1-37

图2 引物 emi02C21 在部分材料中的扩增结果

Fig. 2 Amplification results of primer emi02C21 in partial materials

标记多态性信息含量(*PIC*)与基因型多样性基本一致,当 $PIC > 50\%$ 时,该标记为高度多态性标记; $25\% < PIC < 50\%$ 时,为中度多态性标记; $PIC < 25\%$ 时,为低度多态性标记^[33]。本试验 25 个标记中,7 个标记为高度多态性标记,18 个为中度多态性标记,高度多态性标记比重为 28%,所占比重较低。

2.2.2 基于 SSR 标记的聚类分析 对 25 对 SSR 引物条带信息进行统计,并基于条带信息构建聚类图(图 3)。由图 3 可知,供试材料的遗传相似系数在 0.5~1 之间,平均值是 0.7。在遗传相似系数 0.54 处,供试材料可以分为 7 类(3 个大类和 4 个小类),在遗传相似系数 0.59 处,第 I 大类分为 3 个亚类,第 III 大类分为 2 个亚类。3 个大类包含 94 份材料,占总数的 89.5%

第 I 类包含 51 份材料,占 49%,其中第 I-1 亚类共 9 份材料,第 I-2 亚类 17 份材料,第 I-3 亚类 25 份材料,第 I-1 和第 I-2 亚类中俄罗斯材料占绝大多数,为 81%,果形多为卵圆形,果色紫色,萼片绿色。第 I-3 亚类中只有 1 份俄罗斯材料,中国材料占 96%,除 2 份为长茄,其余均为扁圆形,果皮紫色、果萼紫色、萼下色多为绿色和白色。

第 II 类包含 9 份材料,3 份中国材料为紫萼,紫色长茄,6 份俄罗斯材料为绿萼,紫色卵圆形茄子。

第 III 类包含 34 份材料,其中只有 4 份来源于俄罗斯,中国材料均为紫萼紫色茄子,萼下绿色。第 III-1 亚类含 13 份材料,多为卵圆茄,第 III-2 亚类含 21 份材料,多为长茄,且果顶凸。

4 个小类共含 11 份材料,第 IV 类为编号 45 号材料,第 V 类为编号 86、103、104 和 105 号 4 份材料,均为卵圆茄,第 VI 类为编号 65、43 和 44 号 3 份材料,第 VII 类为编号 67、68 和 69 号 3 份材料,卵圆茄。

聚类结果表明,中俄种质间的遗传多样性与地

理来源之间几无相关,但部分亚类大致可按照果实形状分开。66 份中国材料聚类结果,遗传相似系数在 0.5~1.0 之间,平均值是 0.7;39 份俄罗斯材料聚类结果,遗传相似系数在 0.5~0.9 之间,平均值是 0.7;与表型聚类结果相似,中俄材料间遗传多样性差别不大。

3 讨论

本研究中 105 份栽培种茄子材料表型性状的遗传相似系数为 0.4~0.8,平均值为 0.6,说明材料具有一定的遗传多样性,但材料间的遗传相似性较高,遗传基础相对较狭窄,与前人的研究结果相一致^[2,4,18,34]。66 份中国材料和 39 份俄罗斯材料的遗传相似系数均在 0.4~0.8 之间,平均值是 0.6,说明俄罗斯材料间及中国材料间的遗传差异不大。SSR 标记分析 105 份材料间的遗传相似系数为 0.5~1,平均值是 0.7,66 份中国材料的遗传相似系数为 0.5~1.0,39 份俄罗斯材料的遗传相似系数为 0.5~0.9 之间,与表型性状结果相似,进一步证明栽培种茄子的遗传基础狭窄。因此,应注重对茄子野生近缘种的研究与利用。

3.1 中俄材料的差异分析

变异分析表明,各表型性状在中俄材料间都表现出了不同程度的多样性,但同一性状在中俄材料中多样性不同。果面斑纹、果面棱沟和果萼刺在中俄材料中均表现出较高的多态性;中国材料的果形、果形指数和果面光泽的多态性较高,但叶刺和花药条纹无差异;俄罗斯材料中的叶刺、花药条纹和茎茸毛的多态性较高,与我国茄子基因资源的差异明显。因此,俄罗斯生态类型茄子种质资源的引进、研究与利用,有助于丰富我国茄子种质资源及其育种种质的创新。

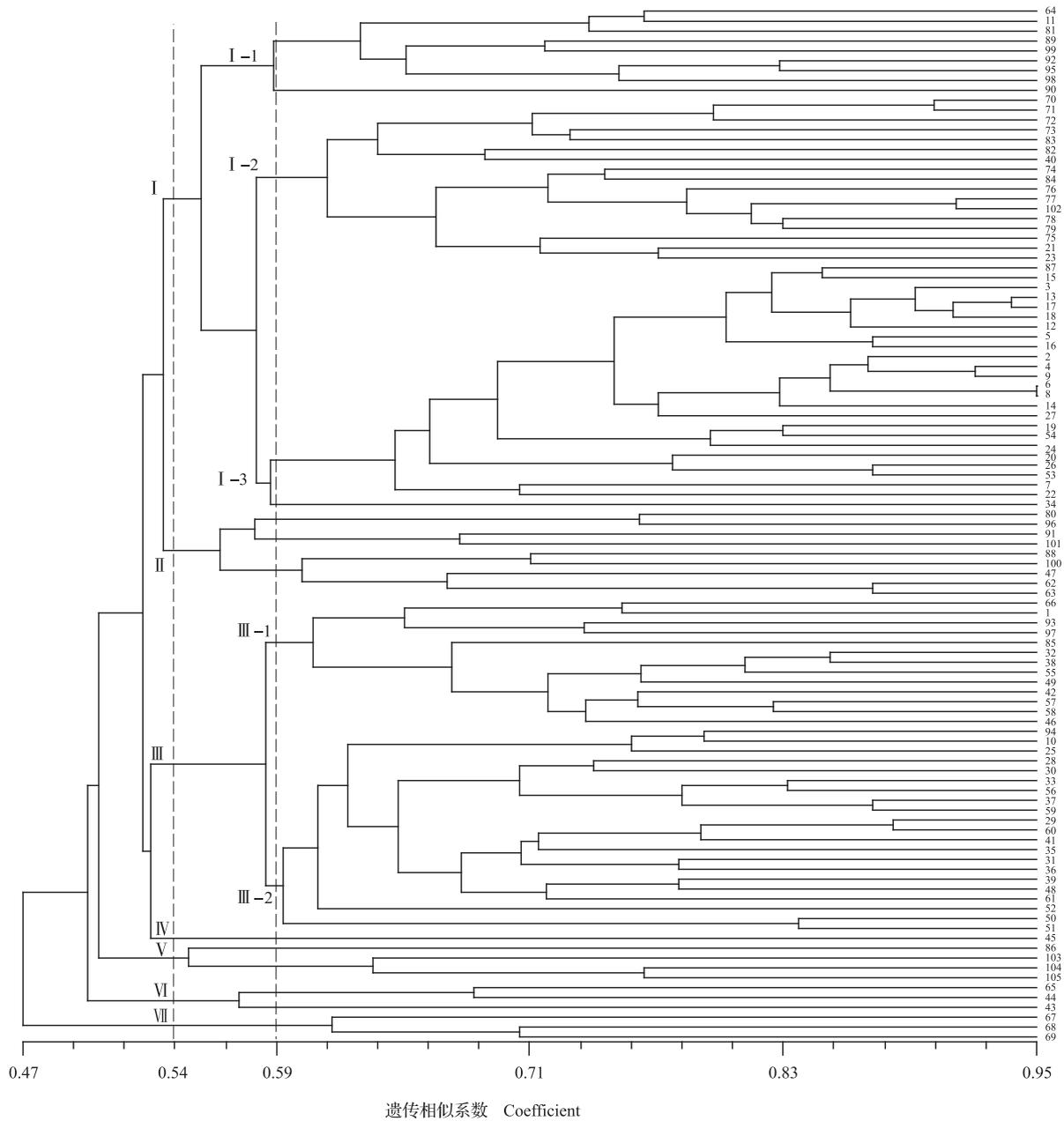


图3 基于 105 份茄子材料 SSR 条带信息的 UPGMA 聚类结果
 Fig.3 UPGMA dendrogram of SSR bands for 105 eggplant

3.2 地理来源对种质鉴定的影响

105 份材料表型性状聚类结果与 SSR 分子标记聚类结果相似,但表型聚类的遗传相似系数较分子聚类低,这可能是由于多态性较高的分子标记较少的缘故。由聚类结果可知,两种地理来源的茄子混杂分布,聚为一类,表明栽培种的类群划分与地理来源没有直接关系,与前人的研究结果一致^[2,4,34]。也有研究者认为,聚类结果与茄子的地理来源有一定的相关性,但不完全一致^[6,35],廖毅等^[6]对来自国内外的 54 份栽培种茄子高代自交系进行遗传多样性的 AFLP 分析表明,大多数来自广东的紫红长棒茄可聚在一个

亚类,而北方的材料也大多聚在一类,且其他省份(主要是长江流域)的材料可单独聚在另外一个亚类。不完全一致可能由于不同地区的相互引种,造成种质在来源上与聚类结果会出现一定的不一致^[33]。

3.3 果实形态对种质鉴定的影响

传统上茄子一般按果形进行分类, Bailey 将茄子按果形分为圆茄类,长茄类和矮茄类(卵圆茄)3 个变种^[36],周长久^[36]将果形指数在 0.8~1.4 之间的划分为圆茄,在 1.4~3 之间的划分为卵茄,大于 3 的划分为长茄。本研究主成分分析结果显示前 8 个主成分累积贡献为 72.2%,主成分分析可将茄子

24个表型性状概括为果形因子、颜色因子、果实外观因子、叶片形态因子、果萼刺和花药条纹6个指标,而果实形态特征占主要成分;表型聚类 and 分子标记聚类结果也均表明栽培种的类群划分与茄子的果实性状有一定的相关性,如表型聚类第I类的第I-1亚类和第I-2亚类均为圆茄类材料,SSR聚类第I类的第I-1亚类和第I-2亚类大多为卵圆茄类材料,第I-3亚类大多为圆茄类材料,因此,茄子种质资源的鉴定及新品种选育应注重果实形态。但不能依据果实形状严格聚类,这与前人研究结果一致^[5,35]。茄子种质表型性状主要是数量性状,大部分由微效多基因控制,受环境影响大,且随国际和地区间合作的加强,资源引进与交流频繁以及育种者对种质的改良,导致不同种质间的基因互相交流,因此,应综合评价茄子种质的遗传特性。

参考文献

- [1] Karihaloo J L, Gottlieb L D. Allozyme variation in the eggplant, *Solanum melongena* L. (Solanaceae) [J]. Theor Appl Genet, 1995, 90(3-4): 578-583
- [2] 毛伟海, 杜黎明, 包崇来, 等. 我国南方长茄种质资源的 ISSR 标记分析[J]. 园艺学报, 2006, 33(5): 1109-1112
- [3] 卢婷, 汪国平, 林明宝, 等. 应用 SSR 标记分析茄子种质资源的遗传多样性[J]. 中国蔬菜, 2008(5): 5-9
- [4] 房超, 李跃建, 刘独臣, 等. 茄子种质资源鉴定及遗传多样性分析[J]. 四川大学学报: 自然科学版, 2011, 48(1): 179-184
- [5] 张念, 王志敏, 于晓虎, 等. 茄子种质资源遗传多样性的形态标记分析[J]. 中国蔬菜, 2013(14): 46-52
- [6] 廖毅, 孙保娟, 黎振兴, 等. 茄子及其近缘野生种遗传多样性及亲缘关系的 AFLP 分析[J]. 热带作物学报, 2009, 30(6): 781-787
- [7] Xu J, Pan Z C, Prior P, et al. Genetic diversity of *Ralstonia solanacearum* strains from China [J]. Eur J Plant Pathol, 2009, 125(4): 641-653
- [8] Sánchez I, Seseña S, Palop L L. Polyphasic study of the genetic diversity of lactobacilli associated with 'Almagro' eggplants spontaneous fermentation, based on combined numerical analysis of randomly amplified polymorphic DNA and pulsed - field gel electrophoresis patterns [J]. J Appl Microbiol, 2004, 97(2): 446-458
- [9] Demir K, Bakir M, Sarikamis G, et al. Genetic diversity of eggplant (*Solanum melongena*) germplasm from Turkey assessed by SSR and RAPD markers [J]. Genet Mol Res, 2010, 9(3): 1568-1576
- [10] Mace E S, Lester R N, Gebhardt C G. AFLP analysis of genetic relationships among the cultivated eggplant, *Solanum melongena* L., and wild relatives (Solanaceae) [J]. Theor Appl Genet, 1999, 99(3-4): 626-633
- [11] Tumbilen Y, Frary A, Mutlu S, et al. Genetic diversity in Turkish eggplant (*Solanum melongena*) varieties as determined by morphological and molecular analyses [J]. Inter Res J Biotechnol, 2011, 2(1): 16-25
- [12] 李怀志, 张峻, 李翔, 等. 应用 SRAP 标记对茄子品种进行遗传多样性分析与指纹图谱构建 [J]. 南京农业大学学报, 2011, 34(4): 18-22
- [13] Li H, Chen H, Zhuang T, et al. Analysis of genetic variation in eggplant and related *Solanum* species using sequence-related amplified polymorphism markers [J]. Scient Hort, 2010, 125(1): 19-24
- [14] Weihai M, Liming D, Chonglai B, et al. Genetic diversity and genetic relatives analysis of southern long-eggplant germplasm based on inter-simple Sequence Repeat (ISSR) [J]. Acta Hort Sin, 2006, 33(5): 1109
- [15] 汪国平, 胡开林, 吴定华. 番茄微卫星研究进展 [M] // 园艺学进展, 第5辑. 广州: 广州出版社, 2002: 383
- [16] Kalia R K, Rai M K, Kalia S, et al. Microsatellite markers; an overview of the recent progress in plants [J]. Euphytica, 2011, 177(3): 309-334
- [17] Barchi L, Lanteri S, Portis E, et al. Identification of SNP and SSR markers in eggplant using RAD tag sequencing [J]. BMC Genomics, 2011, 12(1): 304
- [18] 孙源文, 陈钰辉, 刘富中, 等. 基于 SSR 分子标记的栽培种茄子遗传多样性分析 [J]. 中国蔬菜, 2012(22): 17-23
- [19] Ruiz J J, García-Martínez S, Picó B, et al. Genetic variability and relationship of closely related Spanish traditional cultivars of tomato as detected by SRAP and SSR markers [J]. J Am Soc Hort Sci, 2005, 130(1): 88-94
- [20] Tam S M, Mhiri C, Vogelaar A, et al. Comparative analyses of genetic diversities within tomato and pepper collections detected by retrotransposon-based SSAP, AFLP and SSR [J]. Theor Appl Genet, 2005, 110(5): 819-831
- [21] Meng F, Xu X, Huang F, et al. Analysis of genetic diversity in cultivated and wild tomato varieties in Chinese market by RAPD and SSR [J]. Agric Sci China, 2010, 9(10): 1430-1437
- [22] 王柏柯, 杨生保, 余庆辉, 等. 加工番茄种质资源的 SSR 分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2014, 15(1): 196-200
- [23] Kwon Y S, Lee J M, Yi G B, et al. Use of SSR markers to complement tests of distinctiveness, uniformity, and stability (DUS) of pepper (*Capsicum annuum* L.) varieties [J]. Mol Cell, 2005, 19(3): 428-435
- [24] Pacheco-Olvera A, Hernández-Verdugo S, Rocha-Ramírez V, et al. Genetic Diversity and Structure of Pepper (*L.*) from Northwestern Mexico Analyzed by Microsatellite Markers [J]. Crop Sci, 2012, 52(1): 231-241
- [25] 陈文超, 张竹青, 邹学. 辣椒种质遗传多样性的 EST-SSR 分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(6): 1137-1141
- [26] 刘胜传, 刘仁祥, 雷红梅, 等. 利用 SSR 标记分析部分烟草种质的遗传多样性 [J]. 贵州农业科学, 2009, 37(7): 1-3
- [27] 聂琼, 刘仁祥. 23 份烟草种质资源遗传多样性的 SSR 和 ISSR 标记分析 [J]. 西南农业学报, 2011, 24(1): 15-19
- [28] 刘艳华, 向德虎, 闫宁, 等. 晒黄烟种质资源遗传多样性分析与评价 [J]. 植物遗传资源学报, 2016, 17(2): 252-256
- [29] Milbourne D, Meyer R, Bradshaw J E, et al. Comparison of PCR-based marker systems for the analysis of genetic relationships in cultivated potato [J]. Mol Breeding, 1997, 3(2): 127-136
- [30] Hokanson S C, Szewc-McFadden A K, Lamboy W F, et al. Microsatellite (SSR) markers reveal genetic identities, genetic diversity and relationships in a *Malus × domestica* Borkh. core subset collection [J]. Theor Appl Genet, 1998, 97(5-6): 671-683
- [31] Nunome T, Negoro S, Kono I, et al. Development of SSR markers derived from SSR-enriched genomic library of eggplant (*Solanum melongena* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2009, 119(6): 1143-1153
- [32] 李锡香. 茄子种质资源描述规范和数据标准 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2006
- [33] Nei M. Molecular evolutionary genetics [M]. New York: Columbia University Press, 1987: 145-163
- [34] 冉进, 宋明, 房超, 等. 茄子 (*S. melongena* L.) 种质资源遗传多样性的 RAPD 分析 [J]. 西南农业学报, 2007, 20(4): 694-697
- [35] 林莹荣, 乔燕春, 郭爽, 等. 茄子种质资源 SRAP, SSR 遗传多样性研究 [J]. 热带农业科学, 2014, 34(11): 35-40
- [36] 周长久. 蔬菜种质资源概论 [M]. 北京: 北京农业大学出版社, 1995: 114-128