

刘子记, 申龙斌, 杨 衍, 等. 甜椒核心种质遗传多样性与亲缘关系分析[J]. 江苏农业科学, 2016, 44(5): 199–202.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2016.05.056

甜椒核心种质遗传多样性与亲缘关系分析

刘子记, 申龙斌, 杨 衍, 曹振木

(中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所/农业部华南作物基因资源与种质创制重点开放实验室, 海南儋州 571737)

摘要:以 102 份甜椒核心种质为研究材料, 对 8 个农艺性状进行遗传多样性分析, 并且基于基因型效应值进行性状间的相关性和种质间的亲缘关系分析。8 个农艺性状的多样性指数分别为 4.60、4.60、4.59、4.57、4.60、4.58、4.58 和 4.53, 表明甜椒核心种质存在丰富的遗传多样性。首花节位与株高呈极显著正相关, 相关系数为 0.38; 果纵径与株高呈极显著正相关, 与首花节位呈显著相关, 相关系数分别为 0.37 和 0.23; 果柄长与株高呈显著相关, 相关系数为 0.20; 果肉厚与果纵径、果横径呈极显著正相关, 相关系数分别为 0.28 和 0.30; 单果质量与果纵径、果横径、果肉厚呈极显著正相关, 与首花节位呈显著正相关, 相关系数分别为 0.37、0.67、0.53 和 0.20。不同种质间遗传距离变幅为 1.51~10.41, 表明这些核心材料间遗传差异较大。在聚类重新标定距离为 16.5 时, 102 份甜椒核心种质被分为 27 个类群, 其中 20 个类群分别由 1 份种质材料组成, 表明这 20 份种质与其余种质亲缘关系较远。该研究明确了不同甜椒种质间的亲缘关系, 为甜椒核心种质资源的有效利用和新品种选育提供了理论依据。

关键词:甜椒; 基因型值; 遗传多样性; 相关性; 亲缘关系

中图分类号: S641.303 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2016)05-0199-03

甜椒 (*Capsicum annuum* var. *grossum*, $2n=2x=24$) 原产于中南美洲, 在植物学分类上属于茄科 (Solanaceae) 辣椒属 (*Capsicum*)^[1]。辣椒属包括 5 个栽培种^[2], 甜椒属于一年生辣椒栽培种。甜椒果实不辣而略带甜味, 大量研究表明甜椒果实中含有丰富的维生素 A^[3]、维生素 C^[4]、类胡萝卜素^[5]及矿物质, 可以保护生物有机体免受氧化伤害^[6-7]、提高机体免疫力和预防坏血病。甜椒以果实特有的色泽和营养成分成为一种世界性的蔬菜作物。作物种质资源为栽培种遗传改良、新品种选育及遗传学研究提供丰富的遗传变异和基因资源^[8]。加速新品种的选育和推广利用是科技兴农的关键, 种质资源是实现各个育种途径的原始材料, 对于原始材料的选择依赖于所掌握种质资源的广度及对其研究的深度^[9]。亲缘关系分析是植物种质资源研究的主要内容之一。开展作物种质资源亲缘关系研究, 有助于了解材料的遗传背景, 为种质资源的创新利用与新品种选育提供重要信息^[10]。以往辣椒种质资源亲缘关系分析多集中在有辣味的辣椒材料^[11-15], 有关甜椒核心种质亲缘关系的研究鲜有报道。

作物种质的遗传多样性是其适应环境变化的表现, 表型性状的遗传多样性研究为从整体上评价和利用种质资源奠定基础。但由于种质资源的形态特征是基因型、环境以及基因型与环境互作的综合表现^[16], 仅根据农艺性状表型值难以鉴定其遗传背景的异同。为了排除环境条件、基因型与环境互

作的影响, 准确度量不同遗传材料间的遗传差异, 本研究采用混合线性模型无偏预测性状的基因型值, 基于基因型值进行性状间的相关性分析和材料间的亲缘关系分析, 以期为甜椒种质资源的收集及遗传育种提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料和基因型值预测

将 102 份甜椒核心种质按随机区组设计种植于中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所 10 队试验基地, 3 次重复, 参考《辣椒种质资源描述规范与数据标准》调查株高、株幅、首花节位、果纵径、果横径、果柄长、果肉厚、单果质量。采用朱军提出的混合线性模型无偏预测性状的基因型值^[17]。

1.2 遗传多样性和相关性分析

采用 SAS 9.0 软件分析 8 个性状的最小值、最大值、平均值、极差、变异系数、方差和遗传多样性指数 H' , 基于性状的基因型值计算各性状之间的相关性系数。

1.3 聚类分析

采用 SPSS 9.0 软件基于 8 个性状的基因型值对 102 份甜椒核心种质构建聚类图, 样本间的遗传距离采用欧氏距离法计算, 欧氏距离计算公式为 $EUCLID = \sqrt{\sum_{i=1}^k (x_i - y_i)^2}$, 其中, k 表示样本有 k 个变量, x_i 表示第 1 个样本在第 i 个变量上的取值, y_i 表示第 2 个样本在第 i 个变量上的取值, 样本与小类之间的遗传距离采用最短距离法进行计算^[18]。

2 结果与分析

2.1 甜椒农艺性状的遗传多样性分析

株幅、果纵径和单果质量的极差分别为 57.90 cm、15.30 cm 和 345.70 g, 尤其是单果质量的极差, 几乎是均值的 2 倍, 远远大于其平均值, 这说明甜椒核心种质的株幅、果

收稿日期: 2015-04-22

基金项目: 中国热带农业科学院院本级基本科研业务费专项 (编号: 1630032015003)。

作者简介: 刘子记 (1982—), 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 蔬菜分子生物学及遗传育种。E-mail: liuziji1982@163.com。

通信作者: 曹振木, 研究员, 研究方向为蔬菜遗传育种。E-mail: catasvegetable@126.com。

纵径和单果质量表型值更为分散。单果质量的变异系数最大,为 0.44,果纵径的变异系数次之,为 0.33,进一步说明了甜椒核心种质的单果质量和果纵径表型值的离散程度较高,

各种质之间的遗传差异较大。8 个农艺性状的多样性指数分别为 4.60、4.60、4.59、4.57、4.60、4.58、4.58 和 4.53,均超过了 4.5,该结果表明甜椒核心种质存在丰富的遗传多样性(表 1)。

表 1 甜椒核心种质农艺性状遗传变异

性状	最小值	最大值	平均值	极差	方差	变异系数	多样性指数
株高(cm)	32.00	99.90	60.72	67.90	195.02	0.23	4.60
株幅(cm)	14.10	72.00	45.06	57.90	102.84	0.23	4.60
首花节位	4	13	8	9	4.18	0.26	4.59
果纵径(cm)	4.60	19.90	10.67	15.30	12.66	0.33	4.57
果横径(cm)	3.40	14.20	8.00	10.80	3.55	0.24	4.60
果柄长(cm)	1.20	7.10	4.24	5.90	1.69	0.31	4.58
果肉厚(cm)	0.22	1.15	0.64	0.93	0.04	0.30	4.58
单果质量(g)	40.40	386.10	179.09	345.70	6 265.0	0.44	4.53

2.2 甜椒农艺性状的相关性分析

性状的相关性可以通过对一种性状的选择间接达到选择另一种性状的效果,从而可以提高选择效率,加速育种进程。利用复合线性模型预测 102 份甜椒核心种质 8 个农艺性状的基因型效应值。基于基因型值进行性状间的相关性分析,结果表明,首花节位与株高呈极显著正相关,相关系数为 0.38;果纵径与株高呈极显著正相关,与首花节位呈显著相关,相关

系数分别为 0.37 和 0.23;果柄长与株高呈显著相关,相关系数为 0.20;果肉厚与果纵径、果横径呈极显著正相关,相关系数分别为 0.28 和 0.30;单果质量与果纵径、果横径、果肉厚呈极显著正相关,与首花节位呈显著正相关,相关系数分别为 0.37、0.67、0.53 和 0.20(表 2)。在甜椒新品种选育过程中,筛选具有较大果纵径、果横径和果肉厚的育种材料可有效提高单果质量,筛选株高较低的育种材料有利于培育早熟品种。

表 2 基于基因型值的甜椒农艺性状的相关性分析

性状	相关系数							
	株高	株幅	首花节位	果纵径	果横径	果柄长	果肉厚	单果质量
株高	1.00							
株幅	0.19	1.00						
首花节位	0.38**	-0.02	1.00					
果纵径	0.37**	-0.02	0.23*	1.00				
果横径	0.01	-0.04	0.12	-0.11	1.00			
果柄长	0.20*	-0.14	0.09	0.18	-0.01	1.00		
果肉厚	0.03	-0.13	0.12	0.28**	0.30**	0.10	1.00	
单果质量	-0.08	-0.06	0.20*	0.37**	0.67**	0.09	0.53**	1.00

注: * 表示在 0.05 水平上差异显著;“ ** ”表示在 0.01 水平上差异显著。

2.3 甜椒核心种质聚类分析

利用欧氏距离法基于 8 个农艺性状的基因型效应值计算甜椒核心材料间的遗传距离,在供试的 102 份核心材料中,遗传距离变幅为 1.51 ~ 10.41,表明这些核心材料间遗传差异较大。其中,SP165 和 SP106、SP106 和 SP76、SP225 和 SP177、SP214 和 SP206、SP196 和 SP214、SP165 和 SP219、SP106 和 SP257、SP219 和 SP160、SP131 和 SP177、SP206 和 SP68、SP165 和 SP76、SP106 和 SP79、SP76 和 SP257、SP219 和 SP106、SP225 和 SP131 间遗传距离较小,遗传距离分别为 1.51、1.58、1.60、1.62、1.69、1.76、1.78、1.79、1.81、1.83、1.84、1.85、1.85、1.91、1.95,表明这些材料间亲缘关系相对较近。另外,SP276 和 SP158、SP381 和 SP40、SP55 和 SP383、SP208 和 SP155、SP62 和 SP319、SP107 和 SP219、SP107 和 SP178、SP152 和 SP178、SP92 和 SP155、SP55 和 SP155、SP241 和 SP107、SP160 和 SP107、SP107 和 SP381、SP383 和 SP208、SP107 和 SP62、SP107 和 SP158、SP276 和 SP155、SP208 和 SP382、SP62 和 SP276、SP155 和 SP152、SP382 和 SP152、SP382 和 SP107、SP152 和 SP383、SP383 和 SP107、SP155 和 SP107 间遗传距离较大,均超过了 8.50,遗传距离分别为 8.56、8.56、

8.56、8.57、8.58、8.62、8.63、8.67、8.71、8.72、8.78、8.79、8.97、9.05、9.10、9.11、9.23、9.28、9.40、9.78、9.83、10.01、10.03、10.28、10.41,表明这些材料间亲缘关系较远。

在聚类重新标定距离为 16.5 时,102 份甜椒核心种质被分为 27 个类群,第 1 个类群包括 2 份种质,分别为 SP10 和 SP30,表明这 2 份种质亲缘关系相对较近;第 2 类群包括 57 份种质;第 3 类群包括 1 份种质,为 SP31;第 4 类群包括 3 份种质,分别为 SP36、SP50 和 SP40,表明这 3 份种质亲缘关系相对较近;第 5 类群包括 1 份种质,为 SP37;第 6 类群包括 1 份种质,为 SP55;第 7 类群包括 14 份种质,分别为 SP361、SP365、SP315、SP399、SP355、SP261、SP346、SP259、SP301、SP93、SP142、SP92、SP391 和 SP266;第 8 类群包括 1 份种质,为 SP104;第 9 类群包括 1 份种质,为 SP107;第 10 类群包括 2 份种质,分别为 SP108 和 SP152,表明这 2 份种质亲缘关系相对较近;第 11 类群包括 1 份种质,为 SP143;第 12 类群包括 1 份种质,为 SP155;第 13 类群包括 1 份种质,为 SP158;第 14 类群包括 1 份种质,为 SP208;第 15 类群包括 1 份种质,为 SP237;第 16 类群包括 1 份种质,为 SP270;第 17 类群包括 1 份种质,为 SP275;第 18 类群包括 1 份种质,为 SP276;第 19

类群包括 2 份种质,分别为 SP279 和 SP368;第 20 类群包括 2 份种质,分别为 SP285 和 SP359;第 21 类群包括 1 份种质,为 SP314;第 22 类群包括 1 份种质,为 SP318;第 23 类群包括 1 份种质,为 SP354;第 24 类群包括 1 份种质,为 SP381;第 25 类群包括 1 份种质,为 SP382;第 26 类群包括 1 份种质,为 SP383;第 27 类群包括 1 份种质,为 SP393。从聚类结果可以看出,甜椒核心种质间遗传差异显著,存在丰富的遗传多样性,第 3、5、6、8、9、11、12、13、14、15、16、17、18、21、22、23、24、25、26、27 类群分别由 1 份种质材料组成,表明这 20 份种质与其余种质亲缘关系较远(图 1)。

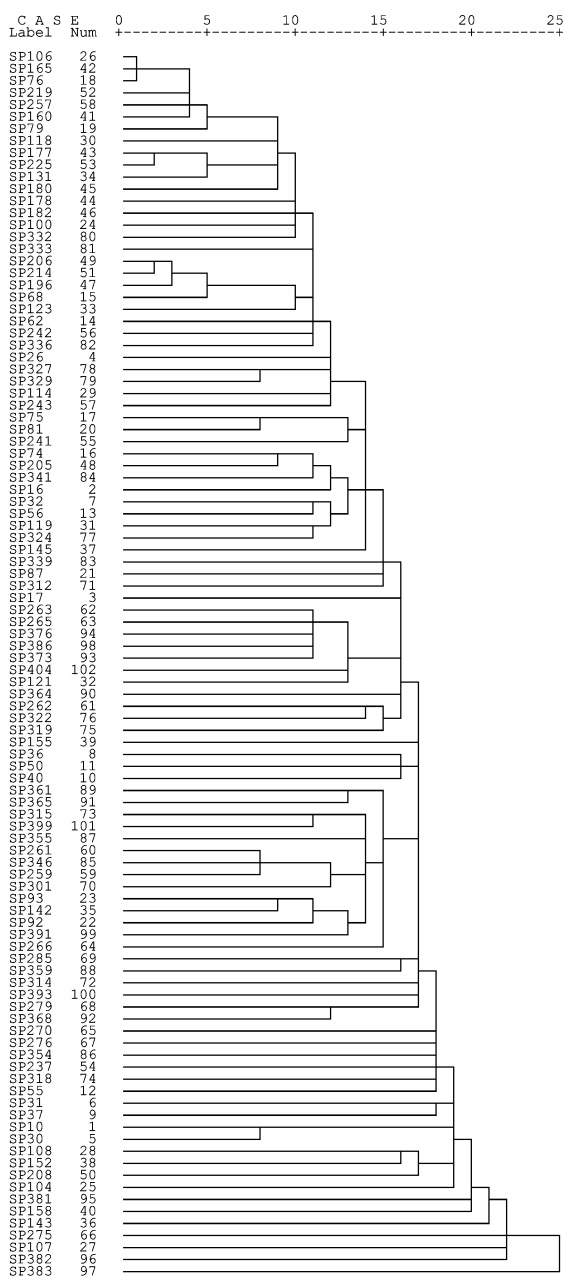


图1 甜椒核心种质聚类分析

3 讨论

作物种质资源的收集与保存对新品种选育、优异基因发掘以及种质创新具有重要意义^[19]。世界各国相继建立了不

同作物的种质资源库。随着种质资源的不断收集,种质库变得越来越大,极大地提高了种质资源的管理费用,增加了特异种质筛选发掘的难度^[20]。在前期的工作中,笔者所在研究室从 410 份甜椒种质中抽取 102 份材料构建了甜椒核心种质库。对作物种质资源进行遗传多样性研究,可为育种工作提供重要的信息。本研究分析了 102 份甜椒核心种质 8 个农艺性状的遗传多样性,8 个农艺性状的多样性指数均超过了 4.5,该结果表明甜椒核心种质存在丰富的遗传多样性。

作物的农艺性状间往往存在错综复杂的相互关系。相关性分析能对不同数量性状两组变量间进行相关性研究,通过对一种性状的选择达到改良另一种性状的效果,这对于不容易鉴定的数量性状显得尤为重要,为开展多个数量性状综合选择提供依据^[21]。本研究基于 102 份甜椒核心种质 8 个农艺性状的基因型值进行性状间的相关性分析,结果表明,首花节位与株高呈极显著正相关;果纵径与株高呈极显著正相关,与首花节位呈显著相关;果柄长与株高呈显著相关;果肉厚与果纵径、果横径呈极显著正相关;单果质量与果纵径、果横径、果肉厚呈极显著正相关,与首花节位呈显著正相关。

种质资源的性状特征受基因型、环境以及基因型与环境互作的影响^[22],单纯依靠农艺性状数据进行亲缘关系分析存在一定误差。如何准确地评价不同材料在遗传上的差异则是合理分析种质亲缘关系的前提。本研究采用混合线性模型无偏预测法预测性状的基因型值,基于性状的基因型值进行甜椒核心种质亲缘关系分析,排除了环境、基因型与环境互作及农业试验中不可控制的一些误差影响,分析结果更具可靠性。在聚类重新标定距离为 16.5 时,102 份甜椒核心种质被分为 27 个类群,其中 20 个类群分别由 1 份种质材料组成,从聚类结果可以看出,甜椒核心种质间遗传差异显著,存在丰富的遗传多样性。本研究明确了不同甜椒核心材料间的亲缘关系,为甜椒种质资源的有效利用和新品种选育奠定了坚实基础。

参考文献:

- [1] Kim S, Park M, Yeom S I, et al. Genome sequence of the hot pepper provides insights into the evolution of pungency in *Capsicum* species [J]. *Nature Genetics*, 2014, 46(3): 270–278.
- [2] 孟金贵, 张卿哲, 王 硕, 等. 涮辣与辣椒属 5 个栽培种亲缘关系的研究[J]. *园艺学报*, 2012, 39(8): 1589–1595.
- [3] Mejia L A, Hudson E, Demejia E G, et al. Carotenoid content and vitamin – a activity of some common cultivars of Mexican peppers (*Aapsicum annuum*) as determined by HPLC [J]. *Journal of Food Science*, 1988, 53(5): 1448–1451.
- [4] Vanderslice J T, Higgs D J, Hayes J M, et al. Ascorbic acid and dehydroascorbic acid content of foods – as – eaten [J]. *Journal of Food Composition and Analysis*, 1990, 3(2): 105–118.
- [5] Ha S H, Kim J B, Park J S, et al. A comparison of the carotenoid accumulation in *Capsicum* varieties that show different ripening colours: deletion of the capsanthin – capsorubin synthase gene is not a prerequisite for the formation of a yellow pepper [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2007, 58(12): 3135–3144.
- [6] Sun T, Xu Z, Wu C T, et al. Antioxidant activities of different colored sweet bell peppers (*Capsicum annuum* L.) [J]. *Journal of Food Science*, 2007, 72(2): S98–102.

张 斌,周广柱,聂义丰,等. 干旱胁迫对银杏幼苗叶片光合性状的影响[J]. 江苏农业科学,2016,44(5):202-205.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2016.05.057

干旱胁迫对银杏幼苗叶片光合性状的影响

张 斌¹,周广柱¹,聂义丰²,李智辉¹,陆秀君¹,崔 锐¹

(1. 沈阳农业大学林学院,辽宁沈阳 110161;2. 大连青青园林绿化有限公司,辽宁大连 116000)

摘要:以 3 年生银杏幼苗为材料,设置轻度、中度、重度 3 种干旱处理,测定叶片光合参数变化。结果表明,干旱胁迫条件下银杏叶片相对含水量保持在 75.31%~87.19%;随着干旱胁迫的加重,光合速率及气孔导度加速下降,而胞间 CO₂ 浓度先下降后上升;PS II 反应中心电子受体侧、供体侧结构变化,叶绿素荧光初始荧光逐渐上升,最大荧光、电子传递活性下降,热耗散增大;50%~65% 的田间持水量条件下,光量子效率最高。这表明在轻度干旱时,银杏叶片光合作用下降主要是气孔因素引起的,光合机构没有受到严重的损伤,而在中度、重度干旱胁迫下,叶片光合作用下降是由非气孔因素引起的,伴随着 PS II 反应中心电子供体侧和受体侧的结构损伤。

关键词:银杏;干旱胁迫;叶片相对含水量;光合特性;叶绿素荧光

中图分类号: S664.301 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2016)05-0202-04

银杏树由于其观赏价值高而被广泛的应用于城市绿化,是城市绿化和景观应用的重要树种。银杏原产于年降水量 900~2 000 mm 的地区,所以当年降水量在 800 mm 以上时,生长期一般不需要灌溉。然而,由于城市地面的硬化,留给降水渗入土壤的绿化树池面积过小,导致城市土壤水分严重亏缺。因此,在一些城市,当银杏达到一定规格时,土壤缺水就成为制约树木生长发育和存活的重要因素^[1]。在干旱胁迫下,银杏表现的主要症状是提早黄叶和落叶,在严重干旱条件下甚至整株死亡。干旱胁迫可通过气孔阻力增大来降低光合

速率^[2-4],还可能通过叶肉细胞及叶绿体结构破坏^[5-7]和光系统 II 反应中心失活^[8-9]等机制抑制光合作用。干旱胁迫对银杏叶片光合作用的影响与胁迫的强度和持续时间的长短有关^[10-12],还与气温高低和光照强度有关^[13-15]。目前辽宁省沈阳市栽植银杏树的街路和广场有 50 多个,总计 16 000 多株,也经常遭受干旱胁迫的严重影响。因此,本研究以沈阳地区城市绿化应用较多的银杏为材料,研究本地区温、光条件下干旱胁迫对银杏叶片光合作用的影响,以期银杏树木培养和水分管理提供理论参考。

收稿日期:2016-01-08

基金项目:辽宁省农业科技攻关项目(编号:2014207005)。

作者简介:张 斌(1990—),女,辽宁大连人,硕士研究生,主要从事园林植物方向研究。E-mail:bin1990515@126.com。

通信作者:周广柱,教授,主要从事园林植物栽培与应用的研究。E-mail:zhouguangzhu@sina.com。

1 材料与方法

1.1 材料

本试验在沈阳农业大学试验基地进行。采用长势一致的 3 年生银杏苗为试验材料,盆栽培养。栽培基质采用黄土和泥炭混合配制,黄土与泥炭体积配比为 7:3。干旱胁迫分为

[7] Marín A, Ferreres F, Tomás-Barberán F A, et al. Characterization and quantitation of antioxidant constituents of sweet pepper (*Capsicum annuum* L.) [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2004, 52(12): 3861-3869.
[8] 朱岩芳,祝水金,李永平,等. ISSR 分子标记技术在植物种质资源研究中的应用[J]. 种子,2010,29(2):55-59.
[9] 谭爱萍,周火强,曾化伟,等. 辣椒种质资源鉴定、评价及利用研究进展[J]. 辣椒杂志,2008(2):24-28.
[10] 王振东,陈超力,于佰双,等. 大豆抗旱种质资源遗传多样性的 SSR 分析[J]. 大豆科学,2010,29(3):370-373.
[11] 李永平,林 琨,温庆放. 辣椒种质资源的遗传多样性分析[J]. 福建农业学报,2011,26(5):747-752.
[12] 李 晴,张学时,张广臣,等. 辣椒种质遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 北方园艺,2010(22):118-122.
[13] 何建文,杨文鹏,韩世玉,等. 贵州辣椒地方品种分子遗传多样性分析[J]. 贵州农业科学,2009,37(8):15-18.
[14] 陈学军,周坤华,宗洪霞,等. 中国灌木辣椒种质遗传多样性的 SRAP 和 SSR 分析[J]. 西北植物学报,2012,32(11):2201-2205.

[15] 陈学军,程志芳,陈劲枫,等. 辣椒种质遗传多样性的 RAPD 和 ISSR 及其表型数据分析[J]. 西北植物学报,2007,27(4):662-670.
[16] 张嘉楠,吕小平,郝晨阳,等. 北方冬麦区小麦抗旱种质资源遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(3):253-259.
[17] 朱 军. 作物杂种后代基因型值和杂种优势的预测方法[J]. 生物数学学报,1993,8(1):32-44.
[18] 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,1991.
[19] 李长涛,石春海,吴建国,等. 利用基因型值构建水稻核心种质的方法研究[J]. 中国水稻科学,2004,18(3):218-222.
[20] 徐海明,邱英雄,胡 晋,等. 不同遗传距离聚类 and 抽样方法构建作物核心种质的比较[J]. 作物学报,2004,30(9):932-936.
[21] 王瑞清,闫志顺,刘 英. 冬小麦品种数量性状的典型相关分析[J]. 种子,2004,23(11):56-58.
[22] 苗锦山,刘彩霞,戴振建,等. 葱种质资源数量性状的聚类分析、相关性和主成分分析[J]. 中国农业大学学报,2010,15(3):41-49.