

何虎翼,樊吴静,唐洲萍,等. 基于植物转座子的分子标记研究进展[J]. 江苏农业科学,2018,46(23):11-15.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.23.003

# 基于植物转座子的分子标记研究进展

何虎翼,樊吴静,唐洲萍,杨鑫,李丽淑,谭冠宁,何新民

(广西农业科学院经济作物研究所,广西南宁 530007)

**摘要:**植物转座子是广泛分布于植物基因组中的一类可移动元件,可分为 DNA 转座子和反转录转座子。植物转座子拷贝数丰富、插入位点多态性和高度异质性,非常适合用来开发分子标记。在了解国内外研究现状的基础上,分析基于植物转座子的 S-SAP、IRAP、REMAP 和 RBIP 等分子标记差异,归纳了这些标记在遗传多样性分析、变异鉴定以及遗传连锁图谱构建等方面应用。

**关键词:**植物;DNA 转座子;反转录转座子;分子标记

**中图分类号:** S336;S188 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2018)23-0011-04

## 1 植物转座子

植物转座子是广泛分布于植物基因组中的一类能从染色体的一个位置跳跃到另一个位置或者另一条染色体的 DNA 序列。根据转座机制的不同可分为 DNA 转座子和反转录转座子。DNA 转座子是一类由 DNA 介导,通过“剪切-复制”进行转座的可移动元件,包括微型反向重复转座元件(miniature inverted repeat transposable elements,简称 MITEs)和 Helitron,其插入位点多态性丰富、拷贝数多。MITEs 两端由末端反向重复序列(terminal inverted repeat,简称 TIR)和靶位点重复序列(target site duplication,简称 TSD)组成,富含 T/A,其转座主要依靠自主型 DNA 转座子的转座酶。反转录转座子是一类广泛分布于植物基因组的由 RNA 介导,通过“复制-粘贴”进行转座的可移动遗传因子。根据是否具有长末端重复元件(long terminal repeat,简称 LTR)又可分为 LTR 反转录转座子和非 LTR 反转录转座子,其中 LTR 反转录转座子包括 2 种类型——Ty1-copia 和 Ty3-gypsy,非 LTR 反转录转座子包括长散在核重复序列(long interspersed nuclear element,简称 LINE)和短散在核重复序列(short interspersed nuclear element,简称 SINE)。植物转座子具有拷贝数丰富、插入位点多态性、高度异质性的特点,非常适合用来开发分子标记。

## 2 基于植物转座子的分子标记类型

目前基于反转录转座子的分子标记技术主要包括序列特异扩增多态性(sequence-specific amplification polymorphisms,简称 S-SAP)、反转录转座子序列间扩增多态性(inter-retrotransposon amplified polymorphism,简称 IRAP)、反转录转座子-微卫星扩增多态性(retrotransposon-microsatellite amplified polymorphism,简称 REMAP)、基于反转

录转座子的插入多态性(retrotransposon-based insertion polymorphisms,简称 RBIP)。S-SAP 标记技术来源于扩增片段长度多态性(amplified fragment length polymorphism,简称 AFLP),由限制性内切酶 PstI 和 MseI 消化基因组 DNA,通过连接接头进行预扩增和选择性扩增,在同一位置片段的有无判断其多态性。不仅可以检测反转录转座子内部变异,还可以用来检测插入位点的多态性<sup>[1]</sup>。IRAP 标记技术是利用基于反转录转座子 LTR 区域设计的引物,通过 PCR 扩增出相邻同一家族的反转录转座子成员间的片段,从而检测反转录转座子插入位点间的多态性<sup>[2]</sup>。REMAP 标记技术是利用基于反转录转座子 LTR 区域和微卫星序列设计的引物,通过 PCR 扩增出反转录转座子与相邻微卫星间的片段,从而检测反转录转座子与简单重复序列间的多态性<sup>[2]</sup>。RBIP 标记技术是以 PDR1 反转录转座子设计引物,筛选基因组文库,通过测序获得该反转录转座子及两侧翼的碱基序列,再通过设计特异引物组合 A/E 或 C/E 产生 PCR 扩增产物<sup>[3]</sup>。这些基于转座子的分子标记技术普遍具有共显性、高多态性和高重复性等特征,已广泛应用于遗传多样性分析、变异鉴定和遗传连锁图谱构建等方面。

## 3 基于植物转座子的分子标记应用

### 3.1 遗传多样性分析

基于 PDR1 的 S-SAP 标记技术显示豌豆属可分为 *Pisum fulvum*、*Pisum abyssinicum*、*Pisum* spp. 等 3 组<sup>[4]</sup>。基于 Tps12、Tps19 和 PDR1 的 S-SAP 标记揭示了 55 份不同豌豆种间和种内的关系<sup>[5]</sup>。基于 Tms1 元件的 S-SAP 标记技术非常适合用来研究紫花苜蓿的遗传多样性<sup>[6]</sup>。基于 BARE-1、BAGY-1、BAGY-2、Sabrina、Nikita、Sukkula 等 6 个反转录转座子家族的 S-SAP 分子标记可以用来比较大麦的遗传多样性<sup>[7]</sup>。基于 Vine-1 的 S-SAP 扩增能有效分析葡萄的遗传多样性<sup>[8]</sup>。基于 Ty1-copia 类反转录转座子的 S-SAP 标记技术可用于检测不同生态型黄瓜材料间的多态性<sup>[9]</sup>。利用不同酶切组合 S-SAP 引物建立了适用于糯玉米的 DNA 图谱<sup>[10]</sup>。利用 10 个 S-SAP 引物组对 28 份柿属基因型种质进行遗传多样性分析,发现 MseI 与反转录转座子引物组扩增

收稿日期:2017-08-02

基金项目:广西自然科学基金(编号:2015GXNSFAA139079)。

作者简介:何虎翼(1974—),男,广西北流人,博士,副研究员,主要从事薯类作物分子育种研究。E-mail:wingtiger2008@126.com。

性能最优<sup>[11]</sup>。基于反转录转座子的 25 对 S-SAP 引物将 28 份柿属植物聚为 2 组<sup>[12]</sup>。利用 S-SAP 标记技术检测短芒大麦突变系种群的遗传多样性,发现种群遗传变异主要存在于种群内<sup>[13]</sup>。利用基于杨梅 Ty1-copia 类反转录转座子 LTR 序列设计的 18 个 S-SAP 引物将 48 份杨梅试材分为 3 个组,分组结果与地域来源基本一致<sup>[14]</sup>。

基于 2 个不同类 copia 反转录转座子的 IRAP 标记技术将克莱门柚分成北非和西班牙 2 组,分组结果与地理来源基本一致<sup>[15]</sup>。利用基于反转录转座子 IRAP 标记技术可以将 59 份烤烟品种分为 14 个类群<sup>[16]</sup>。为分析茄子遗传多样性,根据马铃薯和烟草反转录转座子 LTR 区域设计引物并建立了茄子 IRAP 分子标记体系<sup>[17]</sup>。用基于马铃薯和烟草反转录转座子 LTR 区域设计的 2 组引物将 34 份茄子材料分为 3 大类群<sup>[18]</sup>。通过优化各影响因素,建立了稳定的香菇 IRAP 分子标记技术体系<sup>[19]</sup>。与 ISSR 方法相比,用 IRAP 标记分析烟草种质资源遗传多样性的品种间遗传相异系数和多态性比率更高<sup>[20]</sup>。利用基于小麦反转录转座子 Wis2-1A 的 IRAP 标记技术可将 21 个小麦品种聚成 6 大类群<sup>[21]</sup>。沈玉英等利用基于梅 Ty1-copia 反转录转座子的 IRAP 标记技术体系研究了梅的遗传多样性和亲缘关系<sup>[22]</sup>。杜晓云等利用 IRAP 标记技术揭示了部分柿属种间倍性进化关系<sup>[23]</sup>。基于 Ty1-copia 类反转录转座子的 IRAP 标记技术也适用于检测火龙果

IRAP 多态性<sup>[24]</sup>。利用 IRAP 标记可以区分 36 份小麦材料的抗性强弱关系<sup>[25]</sup>。李慧等利用 IRAP 标记技术研究显示,湖北省建始县的“关口葡萄”与欧美杂交杂种亲缘关系最近,其来源可能与“尼加拉”和“白香蕉”有关<sup>[26]</sup>。崔博文等利用 29 条 IRAP 引物将 12 份马尾松种质分为 3 类,并构建了 DNA 指纹图谱<sup>[27]</sup>。王燕等利用 IRAP 标记技术将 48 份柿属植物区分为野生君迁子居群、柿品种和浙江柿种质 3 组<sup>[28]</sup>。贾春平等基于 4 个稻属反转录转座子的 LTR 区域设计引物,用 IRAP 标记方法分析新疆粳稻种质资源的遗传多样性,发现多态性比率为 93.4% 的 *Houba/Tos5/Osr13* 引物最适合于 DNA 指纹图谱数据库构建,以 0.55 为阈值将 37 份新疆粳稻品种(系)分为 6 大类群<sup>[29]</sup>。10 个 IRAP 引物可将 49 份江西柿属种质资源分为柿、油柿、野柿 3 种<sup>[30]</sup>。

沈玉英等利用 REMAP 标记技术将 24 个梅品种聚为 3 组<sup>[31]</sup>。通过 Ty1-copia 类反转录转座子 LTR 保守区域和 ISSR 设计引物,王东等建立了甜瓜属 REMAP 分子标记技术体系<sup>[32]</sup>。为鉴定中国水仙种质资源遗传多样性,林晓红等建立了优化的 REMAP 技术体系<sup>[33]</sup>。马忠友等建立了一种基于 MITEs 的分子标记方法,可广泛应用到水稻及其他植物上<sup>[34]</sup>。利用 AhMITE 转座子标记技术可以鉴定花生栽培种及高世代材料的亲缘关系<sup>[35]</sup>。基于植物转座子的分子标记在遗传多样性中的应用详见表 1。

表 1 基于植物转座子的分子标记在遗传多样性中的应用

| 类型    | 植物种类 | 引物数量 | 多态性百分率 (%) | 种质资源数量 (份) | 聚类结果  | 遗传相似系数 | 参考文献    |
|-------|------|------|------------|------------|-------|--------|---------|
| S-SAP | 豌豆   |      |            | 71         | 3 组   |        | [4]     |
|       | 豌豆   |      |            | 55         |       |        | [5]     |
|       | 紫花苜蓿 |      | 74.24      |            |       |        | [6]     |
|       | 大麦   |      |            |            |       |        | [7]     |
|       | 葡萄   | 2 条  |            | 15         |       |        | [8]     |
|       | 黄瓜   | 2 对  | 42.00      | 10         |       |        | [9]     |
|       | 糯玉米  | 2 对  |            | 11         |       |        | [10]    |
|       | 柿属   | 10 个 | 99.30      | 28         |       |        | [11]    |
|       | 柿属   | 25 对 | 93.38      | 28         | 2 组   | 0.600  | [12]    |
|       | 短芒大麦 | 2 对  |            |            | 4 个种群 |        | [13]    |
| IRAP  | 杨梅   | 18 个 |            | 48         | 3 组   |        | [14]    |
|       | 克莱门柚 |      | 14.60      |            | 2 组   |        | [15]    |
|       | 烤烟   | 5 个  | 96.03      | 59         | 14 类  | 0.540  | [16]    |
|       | 茄子   | 2 组  | 83.75      | 34         | 三大类   | 0.480  | [17-18] |
|       | 香菇   | 1 对  |            | 18         |       |        | [19]    |
|       | 烟草   | 5 条  | 87.40      | 28         | 三大类   | 0.495  | [20]    |
|       | 小麦   | 1 条  | 63.00      | 21         | 六大类   | 0.290  | [21]    |
|       | 梅    | 1 个  |            | 24         |       |        | [22]    |
|       | 柿属   | 4 条  | 98.90      | 24         | 三大类   | 0.610  | [23]    |
|       | 火龙果  |      |            |            |       |        | [24]    |
|       | 小麦   | 1 对  |            | 36         | 二大类   | 0.610  | [25]    |
|       | 关口葡萄 | 10 条 | 94.12      | 15         | 五大类   | 0.690  | [26]    |
|       | 马尾松  | 29 条 | 91.19      | 12         | 3 类   | 0.570  | [27]    |
|       | 君迁子  | 9 条  | 95.10      | 48         | 3 组   | 0.640  | [28]    |
|       | 粳稻   | 1 对  | 93.40      | 37         | 六大类   | 0.550  | [29]    |
| REMAP | 江西柿  | 10 个 | 100.00     | 55         | 4 个种  | 0.718  | [30]    |
|       | 梅    | 5 对  | 85.92      | 24         | 3 组   | 0.730  | [31]    |
|       | 甜瓜   | 2 对  |            | 46         | 2 类   | 0.740  | [32]    |
|       | 中国水仙 | 1 对  |            |            |       |        | [33]    |
| MITEs | 水稻   |      |            |            |       |        | [34]    |
|       | 花生   | 31 对 | 96.49      | 115        | 三大组   | 0.690  | [35]    |

3.2 变异鉴定

利用 S - SAP 标记技术发现富士苹果芽变品种产生可能与反转录转座子的插入有关<sup>[36]</sup>。利用基于苹果 Ty1 - copia 类反转录转座子建立 S - SAP 标记技术可以区分元帅苹果芽变<sup>[37]</sup>。一个基于苹果查尔酮合成酶基因启动子的特异性片段可以用来鉴定芽变材料发生的性状变异<sup>[38]</sup>。何平等用 7 对基于反转录转座子的 S - SAP 标记引物将 15 个苹果芽变品种区分为嘎拉系、元帅系和富士系<sup>[39]</sup>。基于普通欧柑特异片段的 S - SAP 标记技术可鉴别青瓯柑品种<sup>[40]</sup>。

基于反转录转座子的单引物 IRAP - PCR 可以有效建立 33 份柿属植物基因型的 DNA 指纹图谱,可以区分芽变品种<sup>[41]</sup>。基于反转录转座子序列开发的分子标记可用来鉴定族毛麦染色质,提高小麦 - 族毛麦易位系的利用价值<sup>[42]</sup>。基于苹果反转录转座子 LTR 保守区域设计引物的 IRAP 标记技术可以鉴定部分芽变品种<sup>[43]</sup>。通过利用 IRAP 引物鉴定元帅苹果和富士苹果无性系芽变,揭示转座插入和反转录转座子间重组是苹果无性系变异的重要机制<sup>[44]</sup>。利用 IRAP 标记技

术构建的苹果指纹图谱,可以作为短枝和着色芽变鉴定的依据<sup>[45]</sup>。基于反转录转座子引物 IRAP 标记可鉴定遗传背景高度相似的磨盘柿芽变<sup>[46]</sup>。林晓红等利用 IRAP 标记技术研究中国水仙自然变异体,发现转座子插入和反转录转座子间重组是中国水仙变异的重要机制<sup>[47]</sup>。IRAP 引物标记可用于分析金枣柿实生后代的遗传变异<sup>[48]</sup>。利用基于早酥梨及其红皮芽变 Ty1 - copia 反转录转座子的 IRAP 标记技术可以建立 DNA 指纹图谱<sup>[49]</sup>。

成文革等用 REMAP 标记技术分析吉生羊草体细胞无性系变异,发现其遗传相似性系数范围比 ISSR 技术要大<sup>[50]</sup>。冯荣芳等用基于反转录转座子的 REMAP 标记技术证实红翎菜科海藻存在较高程度变异<sup>[51]</sup>。基于 AhMITE1 转座子标记技术可以有效鉴定花生 F1 代杂种的真实性<sup>[52]</sup>。利用 AhMITE1 转座子标记可对栽培种花生 F1 代杂交种子的真伪进行鉴定<sup>[53]</sup>。基于植物转座子的分子标记在变异鉴定中的应用详见表 2。

表 2 基于植物转座子的分子标记在变异鉴定中的应用

| 类型      | 植物种类 | 引物数量 | 多态性百分率 (%) | 种质资源数量 (份) | 聚类结果  | 遗传相似系数 | 参考文献 |
|---------|------|------|------------|------------|-------|--------|------|
| S - SAP | 苹果   | 6 对  | 57. 10     | 14         | 4 类   | 0. 930 | [36] |
|         | 苹果   | 6 个  |            | 8          |       |        | [37] |
|         | 苹果   | 1 对  |            |            |       |        | [38] |
|         | 苹果   | 7 对  |            | 15         |       |        | [39] |
| IRAP    | 柑橘   | 2 条  | 69. 49     | 3          | 3 类   | 0. 800 | [40] |
|         | 柿属   | 1 个  |            | 33         |       |        | [41] |
|         | 族毛麦  | 1 对  |            | 12         |       |        | [42] |
|         | 苹果   | 1 对  |            | 12         |       |        | [43] |
|         | 苹果   | 6 对  |            | 31         |       | 0. 650 | [44] |
|         | 苹果   |      |            | 31         |       |        | [45] |
|         | 磨盘柿  | 4 条  |            | 11         | 3     |        | [46] |
|         | 中国水仙 | 4 对  |            | 4          | 2 类   | 0. 680 | [47] |
|         | 金枣柿  | 20 条 |            | 46         | 3     | 0. 954 | [48] |
|         | 梨    | 5 条  |            | 3          |       | 0. 115 | [49] |
| REMAP   | 吉生羊草 | 23 条 | 3. 15      | 19         | 4 组   | 0. 996 | [50] |
|         | 红翎菜科 | 20 对 | 100. 00    | 24         | 5 个群体 | 0. 220 | [51] |
| MITEs   | 花生   | 7 对  |            | 166        |       |        | [52] |
|         | 花生   |      |            |            |       |        | [53] |

3.3 遗传连锁图谱构建

基于 Ty1 - copia 反转录转座子 LTR 区域设计的引物可以分析棉属不同种,构建棉花高密度遗传图谱<sup>[54]</sup>。王利英等根据大麦和烟草反转录转座子 Bare - 1、Tto1 的 LTR 区域设计引物,建立了茄子 IRAP 和 REMAP 分子标记技术体系<sup>[55]</sup>。用基于烟草反转录转座子 Tnt1 的 LTR 区域设计的引物可将 32 个百合品种完全区分<sup>[56]</sup>。李芳等利用基于萝卜 Ty1 -

copia 反转录转座子的 IRAP 标记技术构建了 14 个萝卜品种指纹图谱<sup>[57]</sup>。在基于 MITEs 结构特征开发的 119 条引物中, 21 个 MITEs 位点间多态性 (inter - MITE polymorphism, 简称 IMP) 标记可以整合定位到 1 个 SSR 标记的遗传连锁图谱上<sup>[58]</sup>。基于植物转座子的分子标记在遗传连锁图谱构建中的应用详见表 3。

表 3 基于植物转座子的分子标记在遗传连锁图谱构建中的应用

| 类型      | 植物种类 | 引物数量  | 多态性百分率 (%) | 种质资源数量 (份) | 标记数量 | 连锁群 | 参考文献 |
|---------|------|-------|------------|------------|------|-----|------|
| S - SAP | 棉花   | 16 对  | 28. 1      | 4          |      |     | [54] |
| IRAP    | 茄子   | 1 条   | 96. 7      | 14         |      |     | [55] |
|         | 百合   | 1 条   |            | 32         |      |     | [56] |
|         | 萝卜   | 2 个   |            | 14         |      |     | [57] |
| REMAP   | 茄子   | 1 对   | 89. 7      | 14         |      |     | [55] |
| MITEs   | 烟草   | 119 条 | 54. 6      | 9          | 21 个 | 7 条 | [58] |

## 4 结论

植物转座子是广泛分布于植物基因组中的一类可移动元件,可分为 DNA 转座子和反转录转座子。植物转座子拷贝数丰富、插入位点多态性、高度异质性等特点,非常适合用来开发分子标记。本研究在了解国内外研究现状的基础上,分析基于植物转座子的 S-SAP、IRAP、REMAP、RBIP 等分子标记差异,归纳了这些标记在遗传多样性分析、变异鉴定以及遗传连锁图谱构建等方面的应用。随着越来越多植物全基因组序列的发布,在全基因组水平上鉴定植物转座子、高通量开发基于植物转座子的分子标记将成为可能。

## 参考文献:

- [1] Waugh R, McLean K, Flavell A J, et al. Genetic distribution of BARE-1-like retrotransposable elements in the barley genome revealed by sequence-specific amplification polymorphisms (S-SAP) [J]. Mol Gen Genet, 1997, 253: 687-694.
- [2] Kalendar R, Grob T, Regina M, et al. IRAP and REMAP: two new retrotransposon-based DNA fingerprinting techniques [J]. Theor Appl Genet, 1999, 98: 704-711.
- [3] Flavell A J, Knox M R, Pearce S R, et al. Retrotransposon-based insertion polymorphisms (RBIP) for high throughput marker analysis [J]. Plant J, 1998, 16: 643-650.
- [4] Ellis T H N, Poyser S J, Knox M R, et al. Polymorphism of insertion sites of Ty1-copia class retrotransposons and its use for linkage and diversity analysis in pea [J]. Mol Gen Genet, 1998, 260: 9-19.
- [5] Pearce S R, Knox M, Ellis T H N, et al. Pea Ty1-copia group retrotransposons: transpositional activity and use as markers to study genetic diversity in *Pisum* [J]. Mol Gen Genet, 2000, 263: 898-907.
- [6] Porceddu A, Albertini E, Barcaccia G, et al. Development of S-SAP markers based on an LTR-like sequence from *Medicago sativa* L. [J]. Mol Genet Genom, 2002, 267 (1): 107-114.
- [7] Leigh F, Kalendar R, Lea V, et al. Comparison of the utility of barley retrotransposon families for genetic analysis by molecular marker techniques [J]. Mol Genet Genom, 2003, 269 (4): 464-474.
- [8] Labra M, Imazio S, Grassi F, et al. Retrotransposon-based sequence-specific amplified polymorphism for *Vitis vinifera* L. genotyping [J]. Plant Breeding, 2004, 123 (2): 180-185.
- [9] 娄群峰, 刘 强, 陈劲枫. 黄瓜 SSAP 标记技术的建立 [J]. 江苏农业科学, 2007 (4): 82-85.
- [10] 马小锋, 段 可, 胡景江. 糯玉米 DNA 提取方法的优化及 SSAP 方法的建立 [J]. 西北农业学报, 2008, 17 (6): 73-78.
- [11] 杜晓云, 黄建民, 张青林, 等. 内切酶接头引物对柿属 SSAP 分子标记扩增的影响 [J]. 江西农业大学学报, 2010, 32 (2): 368-372.
- [12] 杜晓云, 张青林, 黄建民, 等. SSAP 反转座子分子标记在柿属植物遗传分析中的应用 [J]. 农业生物技术学报, 2010, 18 (4): 682-688.
- [13] 单晓辉, 李毅丹, 李彦舫, 等. 利用 AFLP 和 SSAP 研究短芒大麦突变种群遗传多样性 [J]. 生态学杂志, 2012, 31 (4): 830-836.
- [14] 焦 云, 舒巧云, 刘珠琴, 等. 杨梅 S-SAP 分子标记体系的建立及应用 [J]. 江西农业学报, 2016, 28 (4): 1-6.
- [15] Breto M P, Ruiz C, Pina J A. The diversification of *Citrus clementina* Hort. ex Tan., a vegetatively propagated crop species [J]. Mol Phylogen Evol, 2001, 21 (2): 285-293.
- [16] 肖炳光, 杨本超. 利用 IRAP 标记分析烤烟品种间遗传差异 [J]. 西北植物学报, 2006, 26 (6): 1119-1124.
- [17] 赵海艳, 王秋锦, 孙清鹏, 等. 茄子 IRAP 分子标记体系的建立与优化 [J]. 中国农学通报, 2008, 24 (2): 75-80.
- [18] 赵海艳, 赵 纯, 杨爱珍, 等. IRAP 分子标记在茄子种质资源亲缘关系分析中的应用 [J]. 华北农学报, 2008, 23 (增刊): 194-197.
- [19] 肖 扬, 李 黎, 刘 伟, 等. 香菇反转录转座子间扩增多态性 (IRAP) PCR 反应体系的研究 [J]. 中国农学通报, 2009, 25 (7): 47-51.
- [20] 陶爱芬, 刘中华, 祁建民, 等. 烟草种质资源遗传多样性的 IRAP 和 ISSR 标记比较分析 [J]. 武汉植物学研究, 2009, 27 (6): 589-594.
- [21] 郭向萌, 周晓君, 郑 玲, 等. 不同小麦品种遗传多态性——基于小麦反转录转座子 *Wis2-1A* 的 IRAP 分析 [J]. 安徽农业科学, 2010, 38 (35): 19944-19945.
- [22] 沈玉英, 高志红, 王 飞, 等. 梅 (*Prunus mume*) IRAP 分子标记技术体系的建立 [J]. 果树学报, 2011, 28 (3): 423-427.
- [23] 杜晓云, 宿福园, 张青林, 等. 利用 IRAP 技术揭示部分柿属种间遗传关系 [J]. 果树学报, 2012, 29 (6): 1004-1009.
- [24] 陶 金, 乔 光, 文晓鹏, 等. 火龙果 IRAP 分子标记反应体系的建立与优化 [J]. 华中农业大学学报, 2014, 33 (4): 33-38.
- [25] 李卫涛, 陈秋芳, 押辉远, 等. 利用 IRAP 分子标记对小麦抗旱品种筛选的研究 [J]. 华北农学报, 2014, 29 (3): 105-108.
- [26] 李 慧, 罗正荣, 张青林. 基于 SSR 和 IRAP 标记的‘关口葡萄’亲缘关系分析 [J]. 果树学报, 2014, 31 (6): 1040-1046.
- [27] 崔博文, 范付华, 丁贵杰, 等. 基于马尾松反转录转座子序列的 IRAP 分子标记开发及应用 [J]. 林业科学研究, 2016, 29 (3): 348-353.
- [28] 王 燕, 张平贤, 汤 红, 等. 基于 SRAP 和 IRAP 标记的野生群迁子居群取样策略分析 [J]. 湖北农业科学, 2016, 55 (11): 2838-2842.
- [29] 贾春平, 张燕红, 袁 杰, 等. 37 份新疆粳稻品种 (系) 的 IRAP 遗传多样性分析 [J]. 西北植物学报, 2017, 37 (6): 1102-1110.
- [30] 曾 明, 杜晓云, 吴美华, 等. 江西柿属种质资源遗传多样性的 IRAP 标记分析 [J]. 江西农业学报, 2017, 29 (6): 29-34.
- [31] 沈玉英, 高志红, 王 飞, 等. 梅 REMAP 分子标记技术体系的优化及其应用 [J]. 西北植物学报, 2011, 31 (4): 848-855.
- [32] 王 东, 江 彪, 娄群峰, 等. 甜瓜属 REMAP 分子标记体系的建立及应用 [J]. 中国瓜菜, 2011, 24 (3): 6-9.
- [33] 林晓红, 潘东明. 中国水仙 REMAP 反应体系的建立和优化 [J]. 安徽农业大学学报, 2013, 40 (2): 290-293.
- [34] 马忠友, 苏京平, 孙林静, 等. 微型反向重复转座元件 (MITE) 靶区域扩增多态性: 一种基于 MITE 的分子标记方法在水稻及其他植物上的应用 [J]. 中国水稻科学, 2007, 21 (5): 459-463.
- [35] 王 辉, 李双玲, 任 艳, 等. 利用 AhMITE 转座子分子标记研究花生栽培种及高世代材料的亲缘关系 [J]. 农业生物技术学报, 2013, 21 (10): 1176-1184.
- [36] 贾怀志, 蔡斌华, 王 飞, 等. 利用 S-SAP 鉴定富士苹果芽变 [J]. 西北植物学报, 2009, 29 (6): 1111-1115.
- [37] 赵桂玲, 张志宏, 马 跃, 等. 苹果 S-SAP 分子标记体系建立及应用 [J]. 中国农业科学, 2010, 43 (7): 1516-1523.
- [38] 王江波, 吴翠云, 张 锐. 红富士苹果芽变优系的 SSAP 分析 [J]. 湖北农业科学, 2013, 52 (5): 1181-1184.
- [39] 何 平, 李林光, 李慧峰, 等. S-SAP 分子标记开发及其在苹果芽变鉴别上的应用 [J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14 (2): 298-302.

孙加祥. 食用羽扇豆在澳大利亚的研究开发概况及其在我国的利用前景[J]. 江苏农业科学, 2018, 46(23): 15–18.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.23.004

# 食用羽扇豆在澳大利亚的研究开发概况 及其在我国的利用前景

孙加祥

(江苏省农业科学院国际合作处, 江苏南京 210014)

**摘要:**食用羽扇豆是一种营养价值高的适于干旱贫瘠地区生长的环境友好型作物, 目前全球主要的种植地区是澳大利亚。食用羽扇豆之所以越来越受到人们的重视, 是因为它具有蛋白质含量高、膳食纤维含量高、脂肪含量低、淀粉含量几乎为零的特点, 并含有一系列生物活性因子, 因而成为许多营养食品的配方之一。食用羽扇豆在我国的种植很少, 基于我国土壤分布的特点和国人对自身健康关注度的不断提高, 羽扇豆在国内有着一定的发展空间。

**关键词:**羽扇豆; 澳大利亚; 营养价值; 研究开发概况; 利用前景

**中图分类号:** S542<sup>+</sup>.901 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2018)23-0015-04

羽扇豆原来仅作为畜牧业和水产养殖业饲料的一种原料, 近几十年来, 澳大利亚等国一直致力于高蛋白、低生物碱(苦味淡)和方便脱壳的羽扇豆新品种选育。由于其蛋白营养价值高、具有保健功能, 羽扇豆正逐渐被消费者所接受, 并慢慢走上人们日常生活的餐桌。

食用羽扇豆是澳大利亚西部和南部地区重要的农作物之

一, 在当地俗称“澳豆”, 其种植面积占整个澳大利亚食用豆种植面积的 30%~40%, 主要栽培品种为蓝花羽扇豆(*Lupinus angustifolius*), 该品种别称澳大利亚甜羽扇豆。

澳大利亚的甜羽扇豆主要出口到韩国、日本、荷兰和西班牙, 另外澳大利亚还是中东地区优质、大粒白花羽扇豆的最大进口来源国。

## 1 羽扇豆简介

羽扇豆又称鲁冰花, 是豆科(Leguminosae)蝶形花亚科(Papilionoideae)羽扇豆属(*Lupinus* Linn)植物的通称, 该属类型多样, 其中部分种已为人们所认识。羽扇豆是 1 年生植物,

收稿日期: 2017-07-12

基金项目: 国际农业科技合作绩效评价方法研修培训项目(编号: P162014003)。

作者简介: 孙加祥(1972—), 男, 江苏盐城人, 硕士, 副研究员, 主要从事国际农业科技合作管理研究。E-mail: ofa@jaas.ac.cn。

[40] 张绍阳, 孙崇德, 徐昌杰, 等. 基于 S-SAP 标记技术的柑橘芽变新品系青瓠柑的鉴别[J]. 贵州农业科学, 2015, 43(8): 21–25.

[41] 杜晓云, 罗正荣. 部分柿属植物 IRAP 反应体系的建立及指纹图谱构建[J]. 农业生物技术学报, 2006, 14(6): 931–936.

[42] 曹爱忠, 陈全战, 王海燕, 等. 基于专化的反转录转座子序列开发鉴定族毛茛染色质的 PCR 分子标记[J]. 西北植物学报, 2007, 27(6): 1078–1084.

[43] 贾怀志, 刘艳红, 渠慎春, 等. 苹果 IRAP 技术体系的建立及优化[J]. 果树学报, 2009, 26(2): 254–257.

[44] 孙俊, 周军永, 孙其宝, 等. 苹果元帅系和富士系芽变品种的 IRAP 鉴定[J]. 西北植物学报, 2010, 30(10): 1952–1958.

[45] 周军永, 孙其宝, 孙俊, 等. 苹果 IRAP 反应体系的建立和指纹图谱构建[J]. 安徽农业大学学报, 2010, 37(3): 558–563.

[46] 杜晓云, 张青林, 李宝, 等. 基于 IRAP 技术的磨盘柿变异单株鉴定[J]. 果树学报, 2011, 28(2): 257–262.

[47] 林晓红, 潘东明. 中国水仙自然变异体的 IRAP 分析[J]. 福建农林科技大学(自然科学版), 2013, 42(3): 242–245.

[48] 唐冬兰, 胡燕, 龚榜初, 等. 基于 SCoT 与 IRAP 标记的金枣柿实生后代遗传变异分析及其生殖特性[J]. 果树学报, 2016, 33(8): 934–942.

[49] 周鹏, 张士伟, 翟锐, 等. 梨 Ty1-copia 反转录转座子的克

隆及 IRAP 分子标记体系的建立[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2016, 44(2): 97–104.

[50] 成文革, 吴海英, 路晓玉, 等. 应用 ISSR 和 REMAP 分析吉生羊草体细胞无性系变异[J]. 农业与技术, 2016, 36(1): 17–21.

[51] 冯荣芳, 刘翠, 孙琰, 等. REMAP 标记在红翎菜科无性繁殖变异研究中的应用[J]. 海洋湖沼通报, 2017(2): 89–95.

[52] 王洁, 李双玲, 王辉, 等. 利用 AhMITE1 转座子分子标记鉴定花生 F1 代杂种[J]. 花生学报, 2012, 41(2): 8–12.

[53] 尹亮, 任艳, 石延茂, 等. 利用 AhMITE1 转座子分子标记鉴定栽培花生杂交 F1 代种子真伪[J]. 山东农业科学, 2015, 47(12): 1–5.

[54] 曹志斌, 杨郁文, 徐鹏, 等. 基于棉花逆座子的 SSAP 标记的开发[J]. 江苏农业学报, 2009, 25(6): 1229–1233.

[55] 王利英, 杜永臣, 张斌, 等. 茄子 IRAP 和 REMAP 分子标记的开发[J]. 园艺学报, 2008, 35(9): 1363–1367.

[56] 赵福宽, 张建京, 夏婧, 等. 百合品种 IRAP 指纹图谱构建[J]. 中国园艺文摘, 2010(12): 5–6, 36.

[57] 李芳, 徐良, 魏美甜, 等. 萝卜 IRAP 技术体系建立与品种指纹图谱构建[J]. 江苏农业学报, 2015, 31(1): 143–148.

[58] 高玉龙, 桂毅杰, 肖炳光, 等. 烟草 MITE 位点间多态性(IMP)标记开发及其遗传作图应用[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版), 2012, 38(6): 655–661.