



基于表型性状和SSR标记的57份辣椒种质遗传多样性分析

张强强, 梁赛, 王艳, 贾利, 方凌, 张其安, 江海坤, 隋益虎, 董言香

引用本文:

张强强, 梁赛, 王艳, 等. 基于表型性状和SSR标记的57份辣椒种质遗传多样性分析[J]. *热带亚热带植物学报*, 2020, 28(4): 356–366.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11926/jtsb.4185>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

优良单株家系辣木叶的表型性状分析

Analysis on Leaf Phenotypic Traits of Excellent Single Plant Family *Moranga oleifera*

热带亚热带植物学报. 2020, 28(2): 185–191 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4096>

云南木兰科48种野生植物资源的遗传多样性研究

Studies on Genetic Diversity of 48 Wild Species of Magnoliaceae in Yunnan

热带亚热带植物学报. 2020, 28(3): 277–284 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4161>

19个枇杷杂交新品种(系)的SSR鉴定和指纹图谱构建

Identification and Fingerprint Construction of 19 New Hybrid Varieties (Lines) of Loquat by SSR

热带亚热带植物学报. 2020, 28(2): 153–162 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4131>

琴叶风吹楠资源遗传多样性的AFLP分析

Genetic Diversity of *Horsfieldia pandurifolia* Based on AFLP Markers

热带亚热带植物学报. 2020, 28(3): 271–276 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4162>

地果的转录组学分析

Transcriptome Analysis of Chinese *Ficus tikoua*

热带亚热带植物学报. 2020, 28(4): 317–328 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4164>

基于表型性状和 SSR 标记的 57 份辣椒种质遗传多样性分析

张强强^{1,2}, 梁赛^{1,3}, 王艳^{2,4}, 贾利^{2,4}, 方凌^{2,4}, 张其安^{2,4}, 江海坤^{2,4*}, 隋益虎^{1*}, 董言香^{2,4}

(1. 安徽科技学院, 安徽 凤阳 233100; 2. 园艺作物种质创新及生理生态安徽省重点实验室, 合肥 230000; 3. 安徽农业大学, 合肥 230000; 4. 安徽省农业科学院园艺研究所, 合肥 230000)

摘要: 为了解辣椒(*Capsicum annuum*)种质资源的遗传多样性, 以 57 份辣椒种质资源为材料, 对 34 个表型性状进行变异度、多样性及主成分分析, 分别基于表型性状和 SSR 分子标记进行聚类分析。结果表明, 种质间的 34 个表型性状存在差异, 平均变异系数为 40.67%, 平均 Shannon-Weiner 多样性指数为 1.20; 提取的 10 个主成分可以代表辣椒种质表型性状 75.972% 的遗传信息, 其中第 1 主成分占比 22.317%, 主要由果实横径、单果重、果肩形状和果顶性状所组成; 19 对 SSR 引物的平均 Nei's 基因多样性指数及香农信息指数分别为 0.48 和 0.80; 基于表型性状和 SSR 标记均将 57 份辣椒分为 4 类, 但 2 种聚类结果间的相关性不显著($r=-0.1759$)。这为辣椒育种的亲本选配及种质资源评价提供理论依据。

关键词: 辣椒; 遗传多样性; 表型性状; SSR; 聚类分析

doi: 10.11926/jtsb.4185

Genetic Diversity Analysis of 57 Germplasms of *Capsicum annuum* Based on Phenotypic Traits and SSR Markers

ZHANG Qiang-qiang^{1,2}, LIANG Sai^{1,3}, WANG Yan^{2,4}, JIA Li^{2,4}, FANG Ling^{2,4}, ZHANG Qian^{2,4}, JIANG Hai-kun^{2,4*}, SUI Yi-hu^{1*}, DONG Yan-xiang^{2,4}

(1. Anhui Science and Technology University, Fengyang 233100, Anhui, China; 2. Key Laboratory of Horticultural Crop Germplasm Innovation, Physiology and Ecology, Hefei 230000, China; 3. Anhui Agricultural University, Hefei 230000, China; 4. Institute of Horticulture, Anhui Academy of Agricultural Sciences, Hefei 230000, China)

Abstract: In order to understand the genetic diversity of *Capsicum annuum* germplasms, the coefficient of variation, diversity and principal components analysis of 34 phenotypic traits of 57 germplasms were studied, and the cluster analysis of them based on phenotypic traits and SSR markers were carried out, respectively. The results showed that there were significant differences in 34 phenotypic traits among *Capsicum* germplasms, the mean coefficient of variation and Shannon-Weiner diversity index were 40.67% and 1.20, respectively, and the 10 principal components could represent 75.972% of genetic information of phenotypic traits, the first principal component accounted for 22.317%, which was mainly composed of fruit transverse diameter, single fruit weight, shoulder shape and top character; the average Nei's genetic diversity index and Shannon information index of 19

收稿日期: 2019-12-17 接受日期: 2020-04-13

基金项目: 国家重点研发计划项目(2017YFD0101901); 国家大宗蔬菜产业技术体系合肥综合实验站项目(CARS-23-G39); 安徽省农业科学院创新团队项目(2020YL026); 安徽省重点科技攻关面上项目(1704g07020111)资助

This work was supported by the Project of State Key Research & Development Plan (Grant No. 2017YFD0101901), the Project for National Bulk Vegetable Industry Technology System of Hefei Comprehensive Experimental Station of (Grant No. CARS-23-G39), the Project for Innovation Team of Anhui Academy of Agricultural Sciences (Grant No. 2020YL026), and the Project for Key Science and Technology in Anhui (Grant No. 1704g07020111).

作者简介: 张强强(1992~), 男, 在读硕士研究生, 研究方向为蔬菜育种。E-mail: 1396879943@qq.com

* 通信作者 Corresponding author. E-mail: jhk211@163.com, suiyh@ahstu.edu.cn

SSR primers were 0.48 and 0.80, respectively. Based on phenotypic traits and SSR markers, fifty-seven *Capsicum* germplasms could be divided into 4 groups, but the correlation between two clusters was not significant ($r = -0.1759$). So, these would provide theoretical basis for selection of parents and evaluation of germplasm resources in *Capsicum* breeding.

Key words: *Capsicum annuum*; Genetic diversity; Phenotypic trait; SSR; Cluster analysis

辣椒(*Capsicum annuum*)是茄科(Solanaceae)辣椒属一年或有限多年生草本植物,原产中南美洲,明末传入我国^[1]。辣椒种植面积仅次于大白菜,是我国第二大蔬菜作物,每年的种植面积超 $1.30 \times 10^6 \text{ hm}^2$,经济效益居蔬菜之首^[2]。

随着辣椒杂种优势的开发和不断推广,辣椒种质资源遗传背景日渐狭窄,可利用和挖掘的资源相对较少^[3]。形态学分析可以快速展示品种特点,也是研究多样性及开展作物育种工作的基础^[4-5],但需要较长的种植周期去观察性状间的差异,既费时费力,影响因素也较多。不过,借助 DNA 分子标记技术可以有效提高育种效率和水平。SSR (simple sequence repeat)是一种通过电泳分析核心序列的长度多态性的分子标记^[6],可以从分子层面评价种质间的亲缘关系,聚类分析较为清晰反映种质间特性差异,较为准确地揭示材料间遗传差异^[7]。SSR 分子标记具有操作简单、结果可靠等优点,在种质纯度鉴定^[8-9]、遗传多样性研究^[10-11]、全基因组多态性筛选^[12]及遗传图谱构建^[13-14]等方面广泛应用。目前,已经利用表型与分子标记技术相结合,对杜鹃花(*Rhododendron simsii*)^[15]、小麦(*Triticum aestivum*)^[16]、豌豆(*Pisum sativum*)^[17]、五节麦芒(*Miscanthus floridulus*)^[18]、水稻(*Oryza sativa*)^[19]等植物的遗传多样性进行研究,但用形态学和 SSR 分子标记同时分析辣椒多样性的研究报道较少^[20]。

本研究以 57 份辣椒种质资源为材料,对 34 个表型性状进行遗传多样性分析,同时利用 SSR 分子标记进行多态性引物筛选和遗传多样性分析,基于表型性状和 SSR 标记分别进行聚类分析,旨在筛选出具有优良性状的种质资源,为亲本选配及资源评价提供参考。

1 材料和方法

1.1 材料

试验选用的 57 份辣椒(*Capsicum annuum*)种质资源中有 15 份引自国外,42 份来自国内地方品种(表

1)。试验材料于 2019 年 1 月播种,4 月定植于安徽省农业科学院岗集示范基地,采用随机区组设计,每个小区种植 14 棵,株行距 $33 \text{ cm} \times 40 \text{ cm}$,常规栽培管理。

1.2 方法

1.2.1 表型性状测定

辣椒种质资源表型性状的调查主要以辣椒种质资源描述规范^[21]为主要依据。结合田间情况,对辣椒种质资源的株型、主茎色、分枝性、叶形、叶色、叶缘、叶面特征、叶面绒毛、花冠色、花药颜色、花柱颜色、花柱长度、花梗着生状态、果形、青熟果色、老熟果色、果面棱沟、果面特征、果顶形状、果肩形状、萼片形态及辣味 22 个质量性状进行调查统计;每个小区随机选取 8~9 株,对株高、冠幅、叶片长、叶片宽、果实纵径、果实横径等 12 个数量性状进行测量记录,取平均值。

按照李锡香农艺性状描述规范的赋值标准将数据记录在 Excel 表格中,利用 SPSS 22.0 计算各性状均值、标准差和变异系数,根据农艺性状相关系数,提取主成分并进行聚类分析。

香农多样性指数(Shannon's diversity index)的计算公式为: $I = -\sum_{i=1}^S p_i \ln p_i$, 其中, i 为某一性状的分级, P_i 为该性状第 i 级内材料份数占总份数的百分比。

1.2.2 SSR 分子标记

采用植物基因组 DNA 提取试剂盒(天根生物技术有限公司)分别提取 57 份辣椒种质资源的基因组 DNA,用 1% 琼脂糖凝胶电泳和 Spectrophotometer 核酸检测仪检测提取的 DNA 质量和浓度,于 -20°C 冰箱保存备用。PCR 扩增程序: 94°C 预变性 5 min; 94°C 变性 30 s, $55^\circ\text{C} \sim 58^\circ\text{C}$ 退火 30 s, 72°C 延伸 1 min, 32 个循环;最后 72°C 延伸 7 min; PCR 扩增产物 4°C 保存。扩增产物用 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,银染法染色。

根据电泳图谱,在相同迁移位置按条带有无分别赋值,有带的记为“1”,无带的记为“0”,建立 1、

表 1 57 份辣椒种质材料的编号

Table 1 Accession of 57 capsicum resources

序号 No.	登录号 Accession number	来源 Origin	序号 No.	登录号 Accession number	来源 Origin
1	V06C0217	贵州赤水 Chishui, Guizhou	30	V06C1605	美国 America
2	V06C0454	黑龙江林口 Linkou, Heilongjiang	31	V06C1220	黑龙江园艺所 Heilongjiang Institute of Horticulture
3	V06C0960	陕西定边 Dingbian, Shanxi	32	V06C1610	美国 America
4	V06C0301	河北丰宁 Fengning, Hebei	33	V06C0007	安徽合肥 Hefei, Anhui
5	V06C1721	美国 America	34	V06C1841	韩国 Korea
6	V06C1704	泰国 Thailand	35	V06C1838	英国 England
7	V06C0880	山东掖县 Ye County, Shandong	36	V06C1221	黑龙江园艺所 Heilongjiang Institute of Horticulture
8	V06C0958	陕西白水 Baishui, Shanxi	37	V06C0670	江苏南京 Nanjing, Jiangsu
9	V06C1680	宁夏陶乐 Taole, Ningxia	38	V06C0613	吉林 Jilin
10	V06C1600	美国 America	39	V06C0954	山西运城 Yuncheng, Shaanxi
11	V06C0821	青海西宁 Xining, Qinghai	40	V06C0738	辽宁沈阳 Shenyang, Liaoning
12	V06C0348	河北青县 Qing County, Hebei	41	V06C0189	甘肃兰州 Lanzhou, Gansu
13	V06C0644	保加利亚 Bulgaria	42	V06C1068	安徽合肥 Hefei, Anhui
14	V06C1092	甘肃临夏 Linxia, Gansu	43	V06C1715	陕西安康 Ankang, Shanxi
15	V06C1571	湖北房县 Fangxian, Hubei	44	V06C1657	辽宁本溪 Benxi, Liaoning
16	V06C1205	河南方城 Fangcheng, Henan	45	V06C1720	上海农科院 Shanghai Academy of Agricultural Sciences
17	V06C0976	天津西郊 Xijiao, Tianjing	46	V06C0614	吉林浑江 Hunjiang, Jilin
18	V06C0576	湖南湘潭 Xiangtang, Hunan	47	V06C1796	云南呈贡 Chenggong, Yunnan
19	V06C1635	美国 America	48	V06C1892	西藏波密 Bomi, Xizang
20	V06C1636	美国 America	49	V06C1779	新疆哈密 Hami, Xinjiang
21	V06C1825	泰国 Thailand	50	V06C0503	湖南长沙 Changsha, Hunan
22	V06C1628	美国 America	51	V06C0573	湖南湘潭 Xiangtan, Hunan
23	V06C1742	荷兰 Holland	52	V06C0403	河南许昌 Xuchang, Henan
24	V06C1734	丹麦 Denmark	53	V06C0424	四川成都 Chengdu, Sichuan
25	V06C0330	河北孟村 Mengcun, Hebei	54	V06C1233	湖北随州 Suizhou, Hubei
26	V06C1196	河北定州 Dingzhou, Hebei	55	V06C1149	贵州遵义 Zunyi, Guizhou
27	V06C1217	河南孟县 Mengxian, Henan	56	V06C0198	甘肃武威 Wuwei, Gansu
28	V06C1157	贵州贡丰 Gongfeng, Guizhou	57	V06C0132	四川珙县 Gongxian, Sichuan
29	V06C1688	印度尼西亚 Indonesia			

0 矩阵。利用 NTsys 2.10e 软件, 计算遗传相似系数, 按照非加权配对算数平均法(UPGMA)进行聚类分析^[22]。

1.2.3 相关性分析

利用 NTsys 2.10e 软件将 57 份辣椒资源表型性状数据进行标准化处理, 构建欧式距离矩阵; 根据 SSR 分子标记构建遗传距离矩阵, 将两个矩阵进行 Mantel test 相关性分析^[23]。

2 结果和分析

2.1 表型性状的多样性分析

2.1.1 变异系数

对 57 份辣椒种质资源的 34 个表型性状, 包含 22 个质量性状和 12 个数量性状进行统计分析。由表 2 可知, 不同辣椒资源的表型性状存在差异, 34

个表型性状的变异系数为 9.12%~108.26%, 平均为 40.67%。22 个质量性状中, 果肩形状的变异系数最高, 为 108.26%, 老熟果色变异系数最低, 为 9.12%。12 个数量性状中, 单果质量的变异系数最高, 为 105.73%, 叶片长的变异系数最低, 为 20.84%。

香农多样性指数越大表示物种多样性越丰富。34 个表型性状的香农多样性指数为 0.29~2.32 之间, 平均为 1.20。22 个质量性状中, 果形的香农多样性指数最大, 为 2.32, 株型和老熟果色的最小, 为 0.29。12 个数量性状中, 香农多样性指数最高的是冠幅, 为 1.97, 最低的是心室, 为 1.09。

2.1.2 主成分分析

各性状间的相关性对区分辣椒种质材料有影响, 可以通过主成分分析来消除不利因素的影响。对 57 份种质材料进行主成分分析表明, 从 34 个性状中可提取 10 个主成分, 贡献率为 3.154%~22.317%,

表 2 辣椒种质资源表型性状的变异系数和香农多样性指数

Table 2 Coefficient variation and shannon's diversity index of phenotypic characters of *Capsicum annuum* germplasms

性状 Character	最小值 Minimum	最大值 Maximum	均值 Mean	标准差 SD	香农指数 Shannon's index	变异系数 CV /%
株形 Plant type	1.00	3.00	2.91	0.34	0.29	11.68
主茎色 Main stem color	2.00	5.00	3.21	0.65	0.51	20.25
分枝性 Branchiness	3.00	7.00	5.28	1.75	1.06	33.14
叶形 Leaf shape	1.00	3.00	1.93	0.59	0.88	30.57
叶色 Leaf color	2.00	4.00	3.09	0.87	1.08	28.16
叶缘 Leaf margin	1.00	2.00	1.77	0.42	0.54	23.73
叶面 Leaf surface	1.00	3.00	1.75	0.51	0.73	29.14
叶面茸毛 Leaf surface hair	0.00	3.00	0.84	0.88	1.13	104.76
花冠色 Corolla color	1.00	3.00	1.26	0.58	0.62	46.03
花药颜色 Anther color	3.00	6.00	4.33	0.64	0.83	14.78
花柱颜色 Style color	1.00	3.00	1.21	0.62	0.34	51.24
花柱长度 Length of style	1.00	3.00	2.46	0.73	0.94	29.67
花梗 Pedicel	1.00	3.00	2.39	0.53	0.75	22.18
果形 Fruit shape	1.00	12.00	7.14	3.50	2.32	49.02
青熟果色 Green ripe fruit color	2.00	7.00	5.04	1.10	1.56	21.83
老熟果色 Old ripe fruit color	2.00	4.00	2.96	0.27	0.29	9.12
果面棱沟 Fruit surface edge groove	0.00	2.00	0.84	0.62	0.92	73.81
果面 Fruit surface	1.00	3.00	1.84	0.56	0.83	30.43
果顶形状 Fruit top shape	1.00	4.00	2.05	1.23	1.19	60.00
果肩形状 Fruit shoulder shape	0.00	3.00	1.09	1.18	1.28	108.26
萼片形状 Sepal shape	1.00	3.00	2.12	0.83	1.09	39.15
辣味 Peppery taste	0.00	3.00	1.61	0.92	1.29	57.14
株高 Height (cm)	34.30	168.40	115.86	26.22	1.82	22.63
冠幅 Crown size (cm)	23.40	118.90	73.44	19.44	1.97	26.47
叶长 Leaf length (cm)	8.80	25.30	17.99	3.75	1.84	20.84
叶宽 Leaf width (cm)	3.80	17.60	8.03	2.42	1.88	30.14
叶柄长 Petiole length (cm)	2.70	15.60	9.44	2.88	1.95	30.51
首花节位 First flower node	5.00	24.00	12.33	3.84	1.93	31.14
果长 Fruit length (cm)	4.60	24.40	10.38	4.35	1.84	41.91
果宽 Fruit width (cm)	0.90	8.40	3.30	2.20	1.72	66.67
果柄长 Fruit stalk length (cm)	1.70	7.40	3.61	1.25	1.78	34.63
心室 Ventricle	2.00	5.00	2.70	0.82	1.09	30.37
肉厚 Pulp thickness (mm)	1.10	5.20	2.29	1.08	1.88	47.16
单果质量 Weight per fruit (g)	3.38	153.31	42.44	44.87	1.54	105.73
平均 Mean					1.20	40.66

累计贡献率达 75.972% (表 3)。第 1 主成分的贡献率为 22.317%，其中果宽、单果质量、果肩形状、果顶形状、果形、肉厚等的绝对值排在前面，说明第 1 主成分是一些表型性状的综合反应，可总结为果实因子；第 2 主成分是叶长、叶宽和叶柄长等光合因子的综合反应；第 3 主成分为叶色组成；第 4 主成分由花柱颜色决定；第 5 主成分由叶面茸毛决定；第 6 主成分主要由冠幅决定；第 7 主成分主要表现在叶缘形状；第 8 主成分主要表现在叶面特征；第 9 主成分为花柱长度；第 10 主成分为叶形。

2.1.3 表型性状聚类分析

利用 SPSS 软件对 34 个表型性状数据进行处理，采用系统聚类中的 Word 法对 57 份辣椒资源进行聚类分析(图 1)。在欧式距离为 5 时将辣椒种质分为 4 大类，第 I 类包含 22 份辣椒资源，其中 6 份种质资源引自国外，还有 2 份四川品种和 3 份陕西品种，均为直立株型，整体植株较高，首花节位高，辣椒熟性较晚，果形大部分是线形辣椒，平均果形指数为 4.95，平均单果达 17.51 g，辣味适中；第 II 类包含 10 份辣椒资源，其中 3 份种质资源引自国

表 3 辣椒种质表型性状的主成分分析

Table 3 Principal components analysis of phenotypic characters of *Capsicum annuum* germplasms

性状 Character	主成分 Principal component									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
株形 Plant shape	0.104	0.396	0.361	-0.567	-0.148	-0.087	-0.025	-0.162	-0.055	-0.250
主茎色 Main stem color	-0.238	0.323	-0.286	0.321	0.251	-0.153	0.075	-0.020	-0.170	0.186
分枝性 Branchiness	0.645	0.239	-0.392	0.281	-0.141	-0.051	0.044	-0.144	0.159	0.117
株高 Height (cm)	-0.321	0.281	0.424	-0.066	0.006	0.556	0.007	-0.019	-0.275	0.052
冠幅 Crown size (cm)	0.019	-0.267	0.313	0.005	0.095	0.717	-0.030	-0.259	0.233	0.020
叶形 Leaf shape	-0.387	-0.237	-0.082	0.289	0.100	0.192	0.389	-0.018	0.331	-0.408
叶色 Leaf color	-0.131	0.279	-0.456	0.013	-0.269	-0.064	0.305	-0.356	-0.083	0.219
叶缘 Leaf margin	0.123	0.240	0.307	-0.408	0.360	-0.228	-0.447	0.128	0.225	0.025
叶面 Leaf surface	0.271	0.144	0.303	-0.285	0.302	0.158	0.099	0.560	-0.017	0.238
叶面茸毛 Leaf surface hair	-0.037	-0.137	-0.330	-0.263	-0.552	0.333	-0.067	0.221	-0.317	0.107
叶长 Leaf length	0.303	0.770	0.051	-0.155	0.001	0.159	-0.096	-0.128	0.043	0.067
叶宽 Leaf width	0.402	0.763	0.120	0.146	-0.095	-0.031	-0.080	-0.165	-0.059	0.153
叶柄长 Petiole length	0.235	0.730	-0.217	-0.215	0.173	0.035	0.082	0.015	0.234	-0.152
花冠色 Corolla color	-0.011	0.277	0.341	0.517	-0.338	0.160	-0.225	0.311	-0.044	-0.319
花药颜色 Anther color	-0.209	0.198	0.354	0.370	-0.065	-0.234	-0.187	-0.341	-0.045	0.299
花柱颜色 Style color	-0.165	0.256	0.307	0.579	-0.386	0.075	-0.359	0.067	-0.099	-0.169
花柱长度 Length of style	-0.308	-0.146	0.300	0.098	-0.299	0.223	0.287	0.161	0.408	0.355
花梗 Pedicel	0.090	0.370	-0.281	-0.194	-0.409	-0.170	0.168	0.150	0.033	-0.371
首花节位 First flower node	-0.433	0.515	0.307	-0.184	-0.077	-0.134	0.295	0.236	-0.033	0.087
果形 Fruit shape	-0.893	0.043	-0.102	-0.123	0.090	0.053	-0.155	-0.010	0.064	0.035
青熟果色 Green ripe fruit color	-0.095	0.167	0.480	0.451	0.236	-0.072	0.420	0.089	-0.176	0.117
老熟果色 Old ripe fruit color	0.005	-0.041	0.327	0.246	0.489	-0.180	0.287	-0.172	-0.315	-0.302
果面棱沟 Fruit surface edge groove	0.554	0.022	-0.208	0.265	0.110	-0.103	-0.024	0.520	-0.018	0.094
果面 Fruit surface	0.224	0.045	-0.492	0.406	0.254	0.004	-0.197	0.310	0.101	0.030
果顶形状 Fruit top shape	0.724	-0.337	0.234	0.072	-0.136	-0.066	-0.107	-0.127	0.111	0.080
果肩形状 Fruit shoulder shape	0.812	-0.166	0.244	0.031	-0.069	-0.182	0.075	-0.083	0.155	-0.027
萼片形状 Sepal shape	-0.812	0.228	-0.233	0.014	0.132	0.187	-0.037	0.072	-0.077	-0.025
果长 Fruit length	-0.247	0.290	-0.374	0.140	0.441	0.401	-0.356	-0.164	0.050	-0.050
果宽 Fruit width	0.915	0.036	0.020	0.000	0.009	0.193	0.196	-0.006	-0.109	-0.021
果柄长 Fruit stalk length	-0.351	0.524	0.124	0.235	-0.126	-0.095	0.111	0.023	0.468	-0.023
心室 Ventricle	0.698	-0.189	0.192	0.110	-0.039	-0.045	-0.357	-0.049	0.025	-0.034
肉厚 Pulp thickness	0.706	0.120	-0.003	-0.103	0.200	0.157	0.105	-0.074	0.131	-0.065
单果质量 Weight per fruit	0.853	0.142	0.009	-0.025	0.033	0.293	0.211	0.030	-0.163	-0.025
辣味 Peppery taste	-0.578	-0.195	0.287	-0.191	-0.018	-0.321	-0.111	0.055	0.043	-0.004
特征值 Eigenvalue	7.588	3.708	2.892	2.474	1.964	1.842	1.616	1.458	1.217	1.072
贡献率 Contribution rate /%	22.317	10.905	8.506	7.277	5.777	5.417	4.752	4.288	3.580	3.154
累计贡献率 Cumulative contribution rate /%	22.317	33.222	41.728	49.005	54.782	60.199	64.951	69.238	72.818	75.972

外, 大部分为直立株型, 熟性较早, 果形属于短牛角形中等果辣椒, 平均果形指数为 4.45, 平均单果达 45.67 g; 第 III 类包含 14 份辣椒资源, 只有 1 份资源引自美国, 整体植株较低, 株型开展度较大, 多数为短指形辣椒为主, 平均果形指数为 4.16, 平均单果达 13.67 g; 第 IV 类包含 11 份辣椒资源, 其中 4 份引自美国, 1 份引自英国, 均为直立株型且主茎色均为绿色, 属于灯笼形和锥形等大果形辣椒种质资源, 平均果形指数为 1.13, 平均单果达

125.27 g。可见, 来源地相同的材料并不全部聚为一类, 如 14、41 和 56 号材料均来自甘肃, 但 41 和 56 号聚为一类, 14 号为单独一支, 可见聚类结果与品种来源关系较小, 但聚类结果与单果质量和果形影响较大, 果形相似的聚为同一类。

2.2 SSR 聚类分析

采用 19 对 SSR 引物^[24-26]对 57 份辣椒种质材料进行遗传多样性分析(表 4), 图 2 为引物 epms712

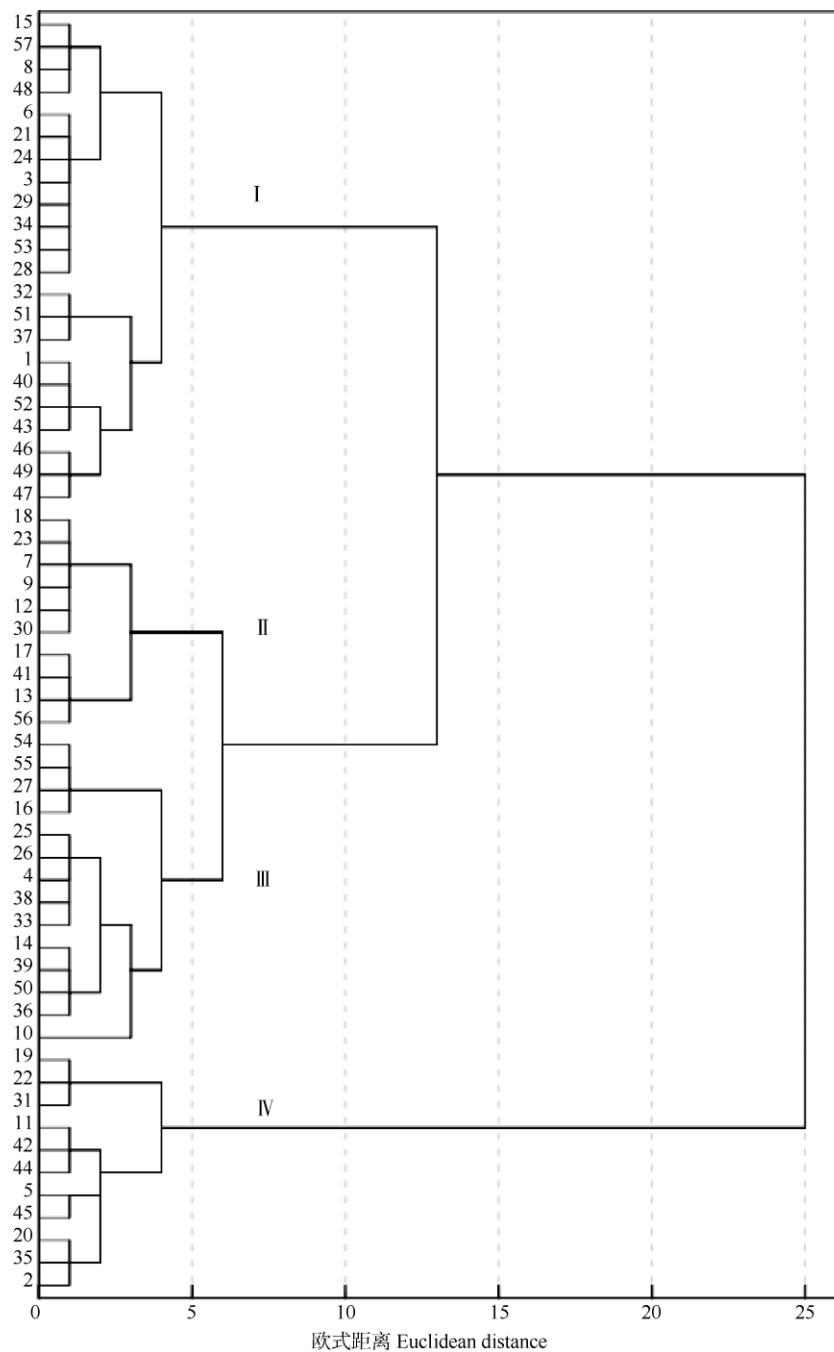


图 1 基于表型性状的辣椒种质资源聚类图。1~57 见表 1。

Fig. 1 Clustering map of *Capsicum annuum* germplasms based on phenotypic characters. 1-57 see Table 1.

对 57 份辣椒种质材料的扩增图谱。19 对引物检测到的 Nei's 基因多样性指数为 0.21~0.67, 平均为 0.48, 其中 HpmsE014 引物的 Nei's 基因多样性指数最大, epms712 引物的最小。19 对引物的香农指数为 0.40~1.10, 平均为 0.80, HpmsE149 引物的香农指数最大, HpmsE014 引物的最小。

应用 NTsys2.10e 软件对 57 份辣椒材料的 SSR 标记进行聚类分析, 采用 UPGMA 法生成聚类树状

图(图 3), 在遗传相似系数为 0.76 处, 将 57 份辣椒材料分成 4 类, 其中材料 28、33 各为 1 类, 材料 45、42、43、27、和 26 等 32 份材料聚为 1 类, 材料 1、16、54、37、52 等 23 份材料聚为一类。此外, 57 份辣椒种质材料中, 材料 40 和 14, 以及材料 52 和 37 分别聚在一起, 遗传相似系数达 0.963, 且田间性状调查两者相似性也较高, 但这 4 份材料来源地各不相同, 可能是由于品种间不断交流所导致的原因。

表 4 SSR 引物信息

Table 4 Information of SSR primers

引物 Primer	上游引物序列(5'~3') Forward primer sequence	下游引物序列(5'~3') Reverse primer sequence	Nei's 基因多样性指数 Nei's genetic diversity index	香农指数 Shannon's index
CAMS-378	GAAATCGACGCGTTTCTAGC	TGTGGGAGAGAGAGGAAGA	0.66	1.09
HpmsAT2-14	TTTAGGGTTTCCAACCTCTTCTCC	CTAACCCACCAAGCAAAACAC	0.57	0.93
HpmsE015	TTGTGAGGGTTTGACACTGGGA	CCGAGCTCGATGAGGATGAACT	0.23	0.44
CAMS-090	TCGCTCAAAGCACATCAAAG	CTTGATTGTTCTTCCACTGCTG	0.52	0.77
Hpms2-21	TTTTTCAATTGATGCATGACCGATA	CATGTCATTTTGTCAATTGATTTGG	0.61	1.01
HpmsE149	CGGAAACTAAACACACTTCTCTC	GACTGGACGCCAGTTTGATT	0.66	1.10
HpmsE128	TGGATCCCAAAAGACTCAGAACA	TATTTCCCTCAGTCGAGGTCGT	0.41	0.74
HpmsE016	CCAAGTTCAGGCCAGGAGTAA	TGCAGAGAAGACTACCAGTCC	0.50	0.69
HpmsE063	CCAAATCATCATCAATGCGAAGA	CGGAGTAGATTGGCGGAGAAA	0.62	1.03
HpmsE060	GACAGGCAGATACCTCTCTCAA	CGGAAAATGTTTCGCTGATCACA	0.50	0.69
HpmsE014	CTTTGGAACATTTCTTTGGGGG	GCGGACGTAGCAGTAGGTTTGG	0.21	0.40
Epms-923	CAAAACCAAATAGGTCCCC	CGCGCAATAATTCAATATCG	0.60	1.01
ES120	GCGGCCTTTTGATTCATACAAT	CGTTTACTGCCCTATCTGCTTG	0.50	0.87
ES285	GCACGAGGCAACAAAAGAGAAT	CGCTGAGCGAGACAGAGAGAG	0.23	0.42
epms712	CCACAAAGGGTTAAGCAGC	AAGGCAGGAGCAGAGTTCAA	0.67	1.09
ES167	CGCGATTTCGATTGCTAAATCTC	CTAATTTCCCAGTTGCGTCTGC	0.35	0.65
ES297	TCAGCGATTAAGAATGCGATTG	CCAAATTGCCCTCTCTTTCCT	0.25	0.50
ES321	ACGAGGTCCACTTCCCCATTAT	TTAGAGAAGGAATAACCGGCAGC	0.58	0.94
ES105	CGCATCTACATCAAGAATCAACCA	GATGTAGAACAAGGAAGCAGGGG	0.52	0.77
平均 Mean			0.48	0.80

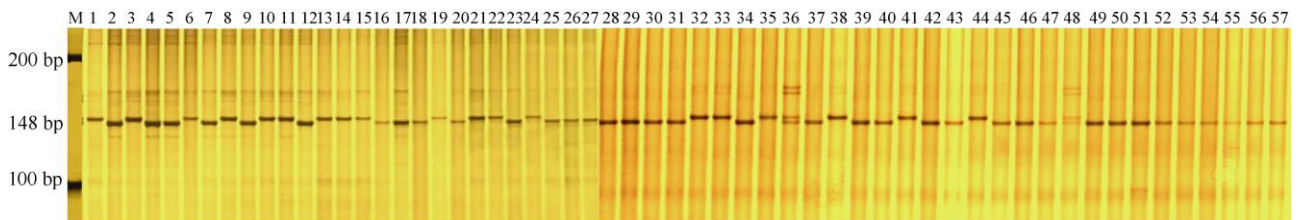


图 2 epms712 引物对 57 份辣椒种质的扩增图谱。M: Marker; 1~57 见表 1。

Fig. 2 Amplification map of 57 *Capsicum annuum* germplasms by epms712 primer. M: Marker; 1-57 see Table 1.

2.3 相关性分析

为了解辣椒种质资源表型性状遗传多样性与分子标记遗传多样性之间的联系,将 57 份辣椒资源的表型性状欧式距离矩阵与 SSR 分子标记遗传距离矩阵进行 Mantel test 相关性分析。结果表明,两种方法的聚类结果间不存在相关性($r=-0.175$),表型性状与 SSR 分子标记两种方法的聚类结果吻合性不高。

3 结论和讨论

本研究通过表型性状和 SSR 分子标记分析 57 份辣椒种质材料遗传多样性,结果表明,34 个表型性状的变异系数和香农多样性指数波动较大,说明

种质材料间存在差异,但表型性状的平均变异系数和香农多样性指数以及 19 对 SSR 引物的平均 Nei's 基因多样性指数和香农指数较低,说明了辣椒种质间遗传背景狭窄。主成分分析从 34 个表型性状中提取了 10 个主成分,累计贡献率为 75.972%,主成分分析可以突出重要性状,排除重叠和消除意义不大的性状。依据表型性状和 SSR 分子标记均可将 57 份辣椒种质材料划分为 4 类,其中部分材料无论在表型层面还是分子层面均划为一类,如编号 10、25、26 和 27 等材料,但 Mantel 相关性分析表明 2 种聚类结果间相关性并不显著,这与沈梓力等^[15]、傅鸿妃等^[20]的研究结果一致。这为辣椒杂种优势利用时选择遗传关系较远亲本配对以及对种质资源评价提供参考的同时,也提示我们表型数据和分子

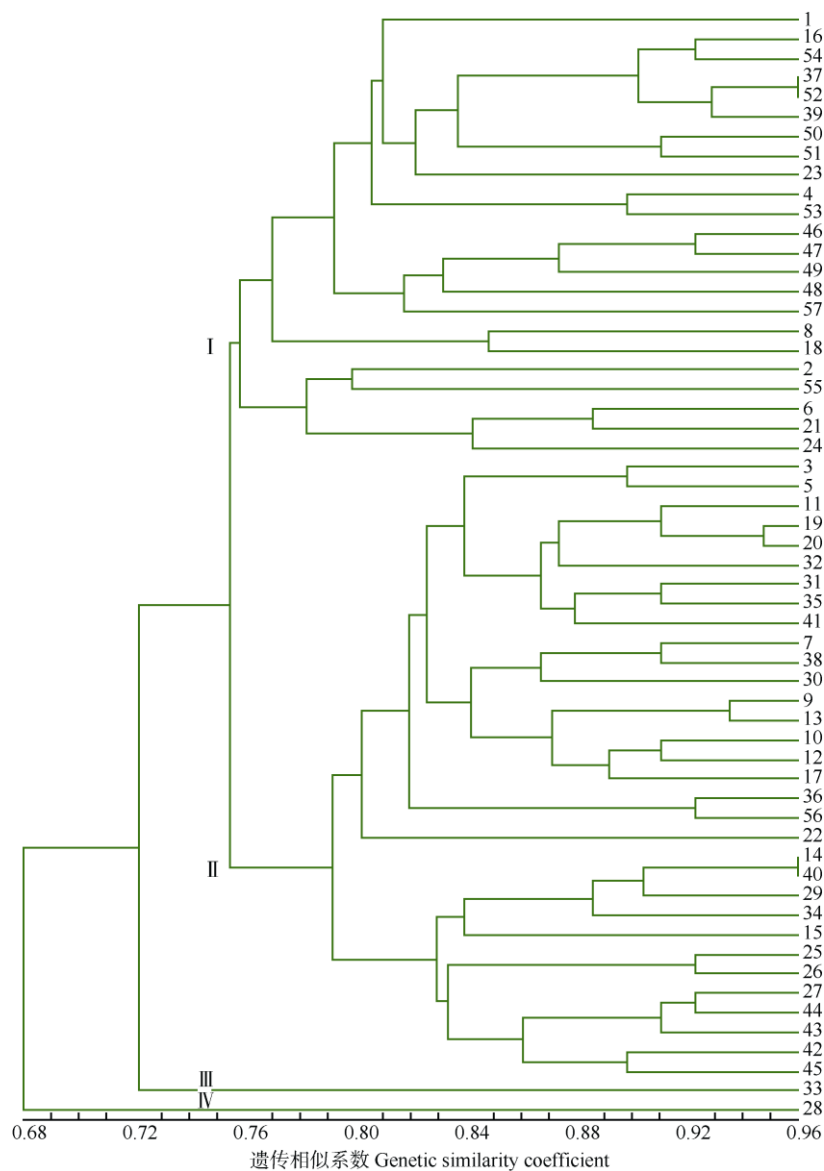


图 3 基于 SSR 标记的 57 份辣椒种质资源聚类图。1~57 见表 1。

Fig. 3 Cluster dendrogram of 57 *Capsicum annuum* germplasms based on SSR markers. 1-57 see Table 1.

数据提供的信息有所不同，育种实践中需要兼顾才能提高育种效率。

种质资源是作物遗传育种的基础，植物种质资源优良性状的发现与利用，会进一步推动育种工作开展。我国辣椒种质资源丰富，但遗传基础狭窄。本研究利用表型性状和 SSR 分子标记 2 种方法分析 57 份辣椒种质资源遗传多样性，但 2 种方法的结果吻合性不高。推测可能的原因是：首先，本研究用于分析的 34 个表型性状只是辣椒表型性状的一部分，可能会导致表型和分子聚类结果不一致^[27]；其次，表型性状易受人为和环境因素的影响，导致数据有误差，进而使聚类的结果产生误差，这与徐豪

等^[28]的研究结果一致；第三，表型性状是由多个基因决定，分子标记检测的基因位点可能只是其中的一部分，并不能代表某一性状的全部信息。本研究筛选出的 19 对 SSR 引物(表 2)数量较少，导致可检测的基因位点数量受到限制且不能覆盖到整个基因组，因此不能全部反映 DNA 遗传信息。同时，分子标记检测到的基因位点并不一定能够在性状中有所表现。可见，表型性状和分子标记两者不能完全对应，导致不存在必然联系。詹永发等^[29]指出农艺性状数据是植物分类不可缺少的重要依据之一，是遗传多样性分析的基础，分子标记广泛应用到种质资源的分类研究中^[30-31]是植物分类和种质创新

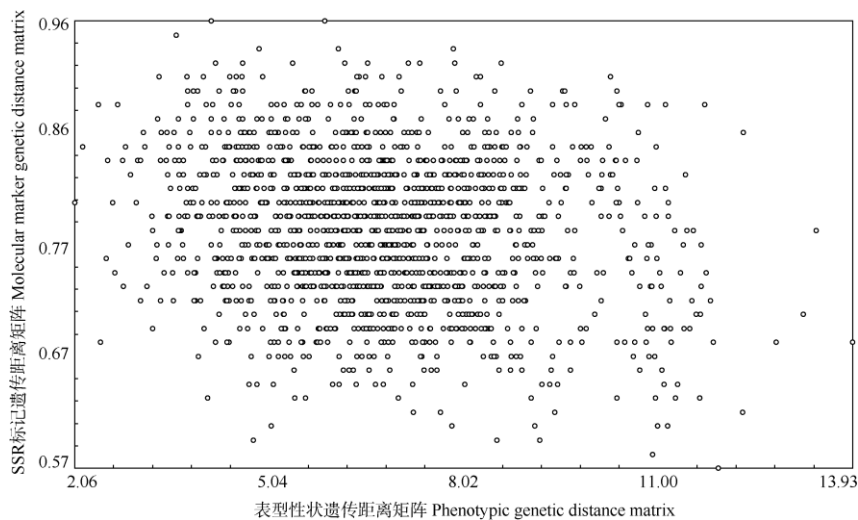


图 4 基于表型性状和 SSR 分子标记的聚类结果相关性

Fig. 4 Correlation of cluster results based on phenotypic traits and SSR markers

的技术依据。所以，为进一步提高今后育种工作中亲本选配及辣椒种质评价的准确性，综合应用表型和分子标记两方面研究，在表型性状上严格按照表型性状描述规范，增加表型性状数量，在分子层面增加引物数量以获得更多的基因位点，进而更加全面、准确地区分种质资源及描述遗传多样性。

参考文献

- [1] GAO J X, WU X M, YANG A R, et al. Low temperature resistance evaluation of pepper germplasm at germination stage [J]. *N Hort*, 2018(9): 19–24. doi: 10.11937/bfyy.20174034.
高晶霞, 吴雪梅, 杨爱荣, 等. 辣椒不同种质资源种子萌发期耐低温性评价 [J]. *北方园艺*, 2018(9): 19–24. doi: 10.11937/bfyy.20174034.
- [2] SHAO Y J, WU W W, SHEN X X, et al. Genetic study on genic male sterility of pepper and its application in hybrid breeding [J]. *J Trop Subtrop Bot*, 2013, 21(1): 93–99. doi: 10.3969/j.issn.1005-3395.2013.01.014.
邵元健, 吴雯雯, 沈素香, 等. 辣椒雄性核不育基因的遗传研究及其在杂交育种中的应用 [J]. *热带亚热带植物学报*, 2013, 21(1): 93–99. doi: 10.3969/j.issn.1005-3395.2013.01.014.
- [3] ZHANG B X, WANG L H, MAO S L, et al. Research progress on pepper genetic breeding during China's 'Eleventh Five-year Plan' [J]. *China Veget*, 2010(24): 1–9.
张宝玺, 王立浩, 毛胜利, 等. “十一五”我国辣椒遗传育种研究进展 [J]. *中国蔬菜*, 2010(24): 1–9.
- [4] CHU P P, XIANG C P, ZHANG C X, et al. Genetic diversity of *Cucurbita moschata* genotypes revealed by RAPD markers and agronomic traits [J]. *J Nucl Agric Sci*, 2007, 21(5): 441–446. doi: 10.3969/j.issn.1000-8551.2007.05.004.
褚盼盼, 向长萍, 张称心, 等. 中国南瓜种质资源农艺性状与 RAPD 标记分析 [J]. *核农学报*, 2007, 21(5): 441–446. doi: 10.3969/j.issn.1000-8551.2007.05.004.
- [5] SHI J L, CHEN X Z, HUANG Z A, et al. Genetic diversity evaluation on main agronomic traits in south China ecotypic cucumber [J]. *J Nucl Agric Sci*, 2016, 30(10): 1914–1924. doi: 10.11869/j.issn.100-8551.2016.10.1914.
史建磊, 陈先知, 黄宗安, 等. 华南型黄瓜主要农艺性状遗传多样性评价 [J]. *核农学报*, 2016, 30(10): 1914–1924. doi: 10.11869/j.issn.100-8551.2016.10.1914.
- [6] WEBER J L, MAY P E. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction [J]. *Amer J Human Genet*, 1989, 44(3): 388–396.
- [7] YUAN W, ZHAO Y L, WANG L J. Development and application of SSR markers in peanut germplasm identification [J]. *Mol Plant Breed*, 2016, 14(12): 3462–3468. doi: 10.13271/j.mpb.014.003462.
苑旺, 赵永亮, 王丽洁. SSR 分子标记在花生种质资源鉴定方面的应用研究 [J]. *分子植物育种*, 2016, 14(12): 3462–3468. doi: 10.13271/j.mpb.014.003462.
- [8] YANG S J, YU W T, YUAN Y X, et al. Screening of SSR markers for purity identification of pepper variety 'Yujiao No. 101' [J]. *Mol Plant Breed*, 2019, 17(22): 7433–7437. doi: 10.13271/j.mpb.017.007433.
杨双娟, 于文涛, 原玉香, 等. 辣椒品种‘豫椒 101’纯度鉴定的 SSR 标记筛选 [J]. *分子植物育种*, 2019, 17(22): 7433–7437. doi: 10.

- 13271/j.mpb.017.007433.
- [9] LIU Z J, YANG Y, SUN J H, et al. Purity identification of Rela No. 2 pepper and genetic diversity analysis of excellent pepper inbred lines [J]. *Chin J Trop Crops*, 2014, 35(5): 847–853. doi: 10.3969/j.issn.1000-2561.2014.05.005.
刘子记, 杨衍, 孙继华, 等. 热辣 2 号辣椒纯度鉴定及优良自交系遗传多样性分析 [J]. *热带作物学报*, 2014, 35(5): 847–853. doi: 10.3969/j.issn.1000-2561.2014.05.005.
- [10] JIA H, WEI X C, YAO Q J, et al. Genetic diversity analysis of *Capsicum* genus germplasm resources using SSR markers [J]. *Mol Plant Breed*, 2017, 15(1): 353–363. doi: 10.13271/j.mpb.015.000353.
贾豪, 魏小春, 姚秋菊, 等. 辣椒 SSR 标记种质资源遗传多样性的分析 [J]. *分子植物育种*, 2017, 15(1): 353–363. doi: 10.13271/j.mpb.015.000353.
- [11] GUAN J J, YU Z H, YANG X H, et al. Study on the application of SSR markers in pepper (*Capsicum annuum* L.) DUS testing [J]. *J Plant Genet Resour*, 2019, 20(2): 396–405. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.20180808001.
管俊娇, 余志慧, 杨晓洪, 等. SSR 标记在辣椒 DUS 测试中的应用研究 [J]. *植物遗传资源学报*, 2019, 20(2): 396–405. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.20180808001.
- [12] LI Y, ZHAO H X, WANG Y, et al. Screening and application of SSR markers' polymorphism of capsicum whole genome [J]. *Chin Agric Sci Bull*, 2018, 34(17): 56–61. doi: 10.11924/j.issn.1000-6850.casb17090062.
李艳, 赵红星, 王勇, 等. 辣椒全基因组 SSR 标记多态性的筛选及应用 [J]. *中国农学通报*, 2018, 34(17): 56–61. doi: 10.11924/j.issn.1000-6850.casb17090062.
- [13] CHEN Z H, SHAN R Y, YOU X M, et al. Constructing fingerprints and analyzing genetic diversity of 43 tea cultivars in Fujian Province [J]. *J Trop Subtrop Bot*, 2017, 25(6): 579–586. doi: 10.11926/jtsb.3743.
陈志辉, 单睿阳, 游小妹, 等. 43 个福建省茶树品种指纹图谱构建及遗传多样性分析 [J]. *热带亚热带植物学报*, 2017, 25(6): 579–586. doi: 10.11926/jtsb.3743.
- [14] LIANG Y S, YAN C, QIN X J, et al. Construction of three half-sib SSR linkage maps derived from overwintering cultivated rice and segregation distortion loci mapping [J]. *Genome*, 2020, 63(4): 239–251. doi: 10.1139/gen-2019-0160.
- [15] SHEN Z L, LI M Q, QIU T, et al. Analysis of main phenotypic traits and SSR marker diversity of F₁ generation of rhododendron [J]. *Jiangsu Agric Sci*, 2019, 47(18): 177–181.
沈梓力, 李美芹, 邱甜, 等. 杜鹃花 F₁ 代群体主要表型性状及 SSR 标记的多样性分析 [J]. *江苏农业科学*, 2019, 47(18): 177–181.
- [16] ZHANG Y J, GOU Z W, WANG X R, et al. An analysis of genetic diversity and linked agronomic traits of Heshangtou wheat in northwest China [J]. *Acta Pratac Sin*, 2019, 28(2): 142–155. doi: 10.11686/cyxb2018124.
张彦军, 苟作旺, 王兴荣, 等. 西北地区和尚头小麦遗传多样性及农艺性状的关联分析 [J]. *草业学报*, 2019, 28(2): 142–155. doi: 10.11686/cyxb2018124.
- [17] GU J, LI L, ZONG X X, et al. Association analysis between morphological traits of pea and its polymorphic SSR markers [J]. *J Plant Genet Resour*, 2011, 12(6): 833–839. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.2011.06.025.
顾竟, 李玲, 宗绪晓, 等. 豌豆种质表型性状 SSR 标记关联分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(6): 833–839. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.2011.06.025.
- [18] XUE D, XIAO L, AI X, et al. Genetic diversity of *Miscanthus floridulus* revealed by morphological characters and SSR markers [J]. *Acta Pratac Sin*, 2012, 21(5): 96–106.
薛德, 肖亮, 艾辛, 等. 五节芒表型性状和 SSR 标记遗传多样性分析 [J]. *草业学报*, 2012, 21(5): 96–106.
- [19] XU F R, DONG C, YANG W Y, et al. Genetic similarity based on SSR markers and phenotypic traits of major improved rice (*Oryza sativa* L.) varieties in Yunnan province [J]. *J Plant Genet Resour*, 2011, 12(5): 700–708. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.2011.05.012.
徐福荣, 董超, 杨文毅, 等. 基于表型性状和 SSR 分子标记的云南省水稻主要育成品种(系)的遗传相似性分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(5): 700–708. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.2011.05.012.
- [20] FU H F, LYU X H, CEHN J Y, et al. Genetic diversity analysis of capsicum germplasm based on phenotypic traits with SSR markers [J]. *J Nucl Agric Sci*, 2018, 32(7): 1309–1319. doi: 10.11869/j.issn.100-8551.2018.07.1309.
傅鸿妃, 吕晓菡, 陈建瑛, 等. 辣椒种质表型性状与 SSR 分子标记的遗传多样性分析 [J]. *核农学报*, 2018, 32(7): 1309–1319. doi: 10.11869/j.issn.100-8551.2018.07.1309.
- [21] LI X X, ZAHNG B X. Descriptors and Data Standard for *Capsicum* [M]. Beijing: China Agricultural Press, 2006: 1–98.
李锡香, 张宝玺. 辣椒种质资源描述规范和数据标准 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2006: 1–98.
- [22] SUN M. Genetic diversity in three colonizing orchids with contrasting mating systems [J]. *Amer J Bot*, 1997, 84(2): 224–232. doi: 10.2307/2446084.
- [23] ZHANG J B, YAN J J, BAI S Q, et al. Genetic diversity of native *Erianthus arundinaceus* germplasm detected by SRAP markers [J]. *J Agric Biotechnol*, 2013, 21(10): 1193–1202. doi: 10.3969/j.issn.1674-7968.2013.10.008.
张建波, 鄢家俊, 白史且, 等. 斑茅野生种质资源 SRAP 遗传多样

- 性研究 [J]. 农业生物技术学报, 2013, 21(10): 1193–1202. doi: 10.3969/j.issn.1674-7968.2013.10.008.
- [24] LEE J M, NAHM S H, KIM Y M, et al. Characterization and molecular genetic mapping of microsatellite loci in pepper [J]. Theor Appl Genet, 2004, 108(4): 619–627. doi: 10.1007/s00122-003-1467-x.
- [25] INAMIYAMA Y, TSURO M, HIRAI M. An SSR-based linkage map of *Capsicum annuum* [J]. Mol Breed, 2006, 18(2): 157–169. doi: 10.1007/s11032-006-9024-3.
- [26] PORTIS E, NAGY I, SASVÁRI Z, et al. The design of *Capsicum* spp. SSR assays via analysis of *in silico* DNA sequence, and their potential utility for genetic mapping [J]. Plant Sci, 2006, 172(3): 640–648. doi: 10.1016/j.plantsci.2006.11.016.
- [27] ZHENG D J, YUN T H, ZHANG Z L, et al. Study on genetic diversity and relationship for the Hainan island landraces of *Cucurbita moschata* [J]. J Nucl Agric Sci, 2016, 30(5): 869–877. doi: 10.11869/j.issn.100-8551.2016.05.0869.
- 郑道君, 云天海, 张治礼, 等. 中国南瓜海南农家品种资源遗传多样性和亲缘关系研究 [J]. 核农学报, 2016, 30(5): 869–877. doi: 10.11869/j.issn.100-8551.2016.05.0869.
- [28] XU H, LIU M G, DONG S J, et al. Diversity and geographical variations of germplasm resources of *Armeniacamandshurica* [J]. Chin J Plant Ecol, 2019, 43(7): 585–600. doi: 10.17521/cjpe.2019.0060.
- 徐豪, 刘明国, 董胜君, 等. 东北杏种质资源多样性及其地理变化 [J]. 植物生态学报, 2019, 43(7): 585–600. doi: 10.17521/cjpe.2019.0060.
- [29] ZHAN Y F, YANG H, TU X M, et al. Genetic diversity of hot pepper germplasm resources and its cluster analysis [J]. Guizhou Agric Sci, 2010, 38(11): 12–15. doi: 10.3969/j.issn.1001-3601.2010.11.004.
- 詹永发, 杨红, 涂祥敏, 等. 辣椒品种资源的遗传多样性和聚类分析 [J]. 贵州农业科学, 2010, 38(11): 12–15. doi: 10.3969/j.issn.1001-3601.2010.11.004.
- [30] HE W, ZHANG H, WANG Y. Analysis of morphology and SRAP of pepper germplasm resources [J]. Heilongjiang Agric Sci, 2019(5): 7–12. doi: 10.11942/j.issn1002-2767.2019.05.007.
- 赫卫, 张慧, 王莹. 辣椒种质资源的形态学和 SRAP 分析 [J]. 黑龙江农业科学, 2019(5): 7–12. doi: 10.11942/j.issn1002-2767.2019.05.007.
- [31] LI N, YANG T, PATIGULI, et al. Genetic diversity analysis of Xinjiang Dried-Orientation type pepper by SRAP and SCoT [J]. Mol Plant Breed, 2017, 15(8): 3331–3340. doi: 10.13271/j.mpb.015.003331.
- 李宁, 杨涛, 帕提古丽, 等. 适于新疆制干类型辣椒种质资源遗传多样性的 SRAP 和 SCoT 分析 [J]. 分子植物育种, 2017, 15(8): 3331–3340. doi: 10.13271/j.mpb.015.003331.