

# 微型月季抗逆性基因表达与微卫星序列连锁分析

王建婷, 刘广达\*, 吴归, 安天琪, 李娜 (内蒙古科技大学包头医学院药学院, 内蒙古包头 014040)

**摘要** 使用转录组学的方法研究水杨酸和茉莉酸甲酯处理微型月季的基因表达, 发现2种处理的植物-病原菌相互关系通路均有数量较多的差异表达基因, 并对该通路中差异表达基因连锁的微卫星序列进行了统计。该研究有助于进一步理解水杨酸和茉莉酸甲酯提升微型月季抗逆性的机理。筛选与抗逆基因连锁的微卫星序列可为今后的育种研究提供帮助。

**关键词** 微型月季; 微卫星序列; 水杨酸; 茉莉酸甲酯

中图分类号 S943.2 文献标识码 A

文章编号 0517-6611(2021)21-0124-04

doi:10.3969/j.issn.0517-6611.2021.21.030

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



## Expression of Stress Resistance Genes and Linkage Analysis of Microsatellite Sequences in Miniature Rose

WANG Jian-ting, LIU Guang-da, WU Gui et al (School of Pharmacy, Baotou Medical College, Inner Mongolia University of Science Technology, Baotou, Inner Mongolia 014040)

**Abstract** In this study, we used transcriptomics methods to study the gene expression of miniature rose treated with salicylic acid and methyl jasmonate, it was found that there were a number of differentially expressed genes in the plant-pathogen interaction pathway after the two treatments, and the microsatellite sequences linked to the differentially expressed genes in the pathway were statistically analyzed. This study will help to further understand the mechanism of salicylic acid and methyl jasmonate improving the stress resistance of miniature rose. Screening microsatellite sequences linked to stress resistance genes will provide help for future breeding research.

**Key words** Miniature rose; Microsatellite sequences; Salicylic acid; Methyl jasmonate

微型月季(*Rosa hybrid minima*)为蔷薇科植物, 由于具有花色奇异、全年开放和适于盆栽等特点<sup>[1]</sup>, 深受消费者喜爱, 具有较高的市场价值。生物和非生物胁迫是微型月季生产中的重要问题。在栽培过程中, 微型月季会受到多种病原微生物的生物胁迫<sup>[2]</sup>。在运输过程中, 微型月季易受到黑暗、缺水 and 震动等非生物胁迫<sup>[3]</sup>。提升微型月季的抗逆性对其商品化生产有着重要作用。水杨酸和茉莉酸甲酯是植物体内普遍存在的抗性信号分子, 可以对生物和非生物胁迫产生响应, 提升植物的抗性<sup>[4-6]</sup>。外施水杨酸和茉莉酸甲酯可以促进多种植物抗逆性<sup>[7]</sup>。

微卫星序列又称简单重复序列(simple sequence repeats, SSR), 是存在于大部分真核生物基因组中的短串重复序列<sup>[8]</sup>, SSR分子标记技术在植物育种和近缘植物亲缘关系研究方面有着广泛的应用<sup>[9]</sup>。随着转录组技术的发展, 许多植物开展了针对转录组中SSR的研究<sup>[10-11]</sup>。相比于基因组中的SSR, 转录组中的SSR存在于发生转录的基因序列中, 这些SSR可能与功能基因直接相关, 从而与性状有更好的相关性<sup>[12-13]</sup>。该研究以水杨酸和茉莉酸甲酯处理微型月季, 利用转录组学的方法研究处理后差异表达基因富集程度较高的代谢通路, 分析与抗逆性相关的代谢通路, 探讨外施水杨酸和茉莉酸甲酯对微型月季抗逆性作用机制的差异, 寻找与主要抗逆性代谢通路中基因相连锁的SSR序列, 为提升微型月季抗逆性的育种工作提供科学依据。

## 1 材料与方法

**1.1 材料** 选择盆栽微型月季(*Rosa hybrid minima*), 采取叶面喷施的方法, 水杨酸处理喷施 100 mL 1 mmol/L 水杨

酸, 茉莉酸甲酯处理喷施 100 mL 1 mmol/L 茉莉酸甲酯, 对照喷施 100 mL 蒸馏水(CK)。处理 24 h 后, 采集微型月季的花瓣。

**1.2 方法** 采集花瓣后液氮速冻, 使用 Invitrogen Trizol 试剂提取总 RNA, 经质检后送联川生物进行文库的构建和高通量测序, 测序采用 Illumina Hiseq 4000 平台, 测序读长为双端 2×150 bp。

**1.3 数据处理** 测序产生的原始数据(raw data)去除接头序列, 过滤掉不合格序列后得到有效数据(clean data)。采取混合组装的策略, 归一化得到 Unigene, 使用 DIAMOND 软件<sup>[14]</sup>对组装的 Unigenes 进行注释。使用 Salmon 软件<sup>[15]</sup>计算 Unigenes 的表达水平, 使用 R 软件包 edge R 筛选差异表达 Unigenes<sup>[16]</sup>, 使用 perl 脚本进行 KEGG 富集分析, 设置差异表达的标准为  $|\log_2(\text{fold change})| > 1 (P \leq 0.05)$ 。富集因子(rich factor)为位于该 KEGG 通路的差异基因数/位于该 KEGG 通路的总基因数。对显著差异的基因占某个通路所有基因数的比例和所有通路的总基因数目的差异基因比例进行检验, 得出富集分析中通路的 P 值。SSR 的鉴定使用 MISA 软件(<http://pgrc.ikp-gatersleben.de/misa/>)对 Unigenes 进行分析。

## 2 结果与分析

**2.1 水杨酸对微型月季基因转录的影响** 水杨酸处理组与 CK 相比, 在差异表达基因富集程度最高的 20 条 KEGG 代谢通路中, 异黄酮生物合成通路(isoflavonoid biosynthesis)的富集因子值最大, 为 0.32, 差异表达 Unigene 基因数为 8, 通路的 P 值为  $3.9 \times 10^{-4}$ 。植物-病原菌相互关系(plant-pathogen interaction)通路差异表达 Unigene 基因数最多, 为 134, 富集因子为 0.10, 通路的 P 值为  $1.4 \times 10^{-3}$ (图 1)。

**2.2 茉莉酸甲酯对微型月季基因转录的影响** 茉莉酸甲酯

**基金项目** 自治区级大学生创新创业训练计划项目(201910127017)。

**作者简介** 王建婷(1998—), 女, 四川宜宾人, 从事药用植物研究。

\* 通信作者, 讲师, 博士, 从事药用植物生物技术研究。

**收稿日期** 2021-05-27

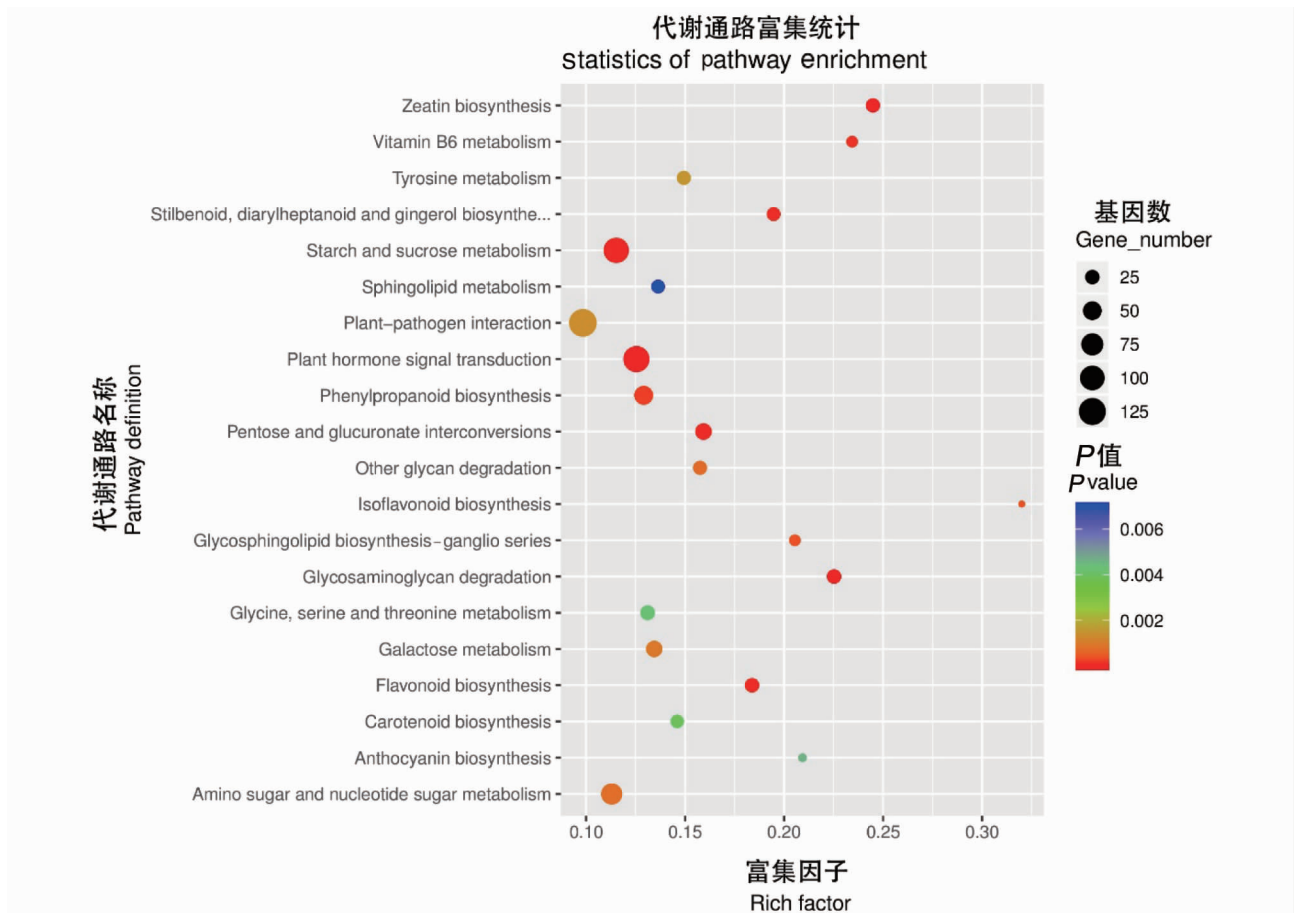


图1 水杨酸对微型月季 KEGG 代谢通路的影响

Fig. 1 Effects of salicylic acid on KEGG metabolic pathway of miniature rose

处理组与对照相比,在差异表达基因富集程度最高的 20 条代谢通路中,异黄酮生物合成(iso flavonoid biosynthesis)通路的富集因子值最大,为 0.32,差异表达 Unigene 基因数为 8,通路的  $P$  值为  $2.2 \times 10^{-6}$ 。植物-病原菌相互关系(plant-pathogen interaction)通路差异表达 Unigene 基因的数量最多,为 82,富集因子为 0.06,通路的  $P$  值为  $9.2 \times 10^{-6}$ (图 2)。

**2.3 抗逆性相关代谢通路基因表达分析** 将差异表达的 Unigene 在 KEGG 数据库中进行注释,水杨酸处理注释到 27 个 KO 条目中,注释到 108 个基因(表 1)。茉莉酸甲酯处理注释到 24 个 KO 条目中,注释到 64 个基因(表 2),其中有 3 个 KO 条目未注释到基因。

**2.4 植物-病原菌相互关系通路差异表达基因与微卫星序列连锁分析** 与 CK 相比,水杨酸处理和茉莉酸甲酯处理后植物-病原菌相互关系通路中显著差异表达的基因数均为最多,且与抗逆性有着紧密的联系,有利于发掘抗逆性相关的 SSR。设置连锁的条件为 KEGG 注释基因与 SSR 存在于同一 Unigene 中,进行统计并记录基因名与具体 SSR 序列(表 3)。水杨酸处理与 CK 相比,植物-病原菌相互关系通路中有 134 个 Unigene 数量差异显著,注释到 108 个基因,其中有 26 个基因与 SSR 序列连锁。茉莉酸甲酯处理与 CK 相比,植物-病原菌相互关系通路中有 82 个 Unigene 数量差异显著,注释到 64 个基因,其中有 15 个基因与 SSR 序列连

锁。*WRKY24*、*NQR*、*DREB3* 和 *PBL5* 4 个基因在水杨酸和茉莉酸甲酯处理下均与 SSR 存在连锁关系。*WRKY65*、*MYB108*、*PDPK2*、*WNK5*、*At2g26730*、*CRCK2*、*WRKY53*、*WRKY48* 和 *WRKY24* 基因与 2 个 SSR 连锁。*WRKY22* 基因与 3 个 SSR 连锁。

### 3 讨论

在植物应对生物胁迫时,植物体内水杨酸、茉莉酸和乙烯通过影响各种信号通路相互作用提升抗性;而在应对非生物胁迫时,脱落酸调节的信号通路起到重要作用。在提升植物抗逆性过程中,这 2 类信号通路间有着复杂的相互影响,整体上处于拮抗关系<sup>[17]</sup>。异黄酮类物质有助于提升植物的生物抗性,如大豆异黄酮可以抵抗植物病原微生物和食草性昆虫,诱导根瘤菌结瘤以利于植物抵御逆境<sup>[18]</sup>。在该试验中,水杨酸和茉莉酸甲酯处理后,异黄酮生物合成通路的富集因子值均为最大,异黄酮生物合成通路中的基因差异表达可能有助于特定种类异黄酮的合成,从而提升植物的抗性。水杨酸处理后,与 CK 相比,植物-病原菌相互关系、淀粉和蔗糖代谢和植物激素信号转导通路差异表达基因数量较多。而茉莉酸甲酯处理后,仅植物-病原菌相互关系通路差异表达基因的数量较多,且 2 种处理后植物-病原菌相互关系通路的  $P$  值存在差异,说明 2 种诱导子的作用机制存在差异。

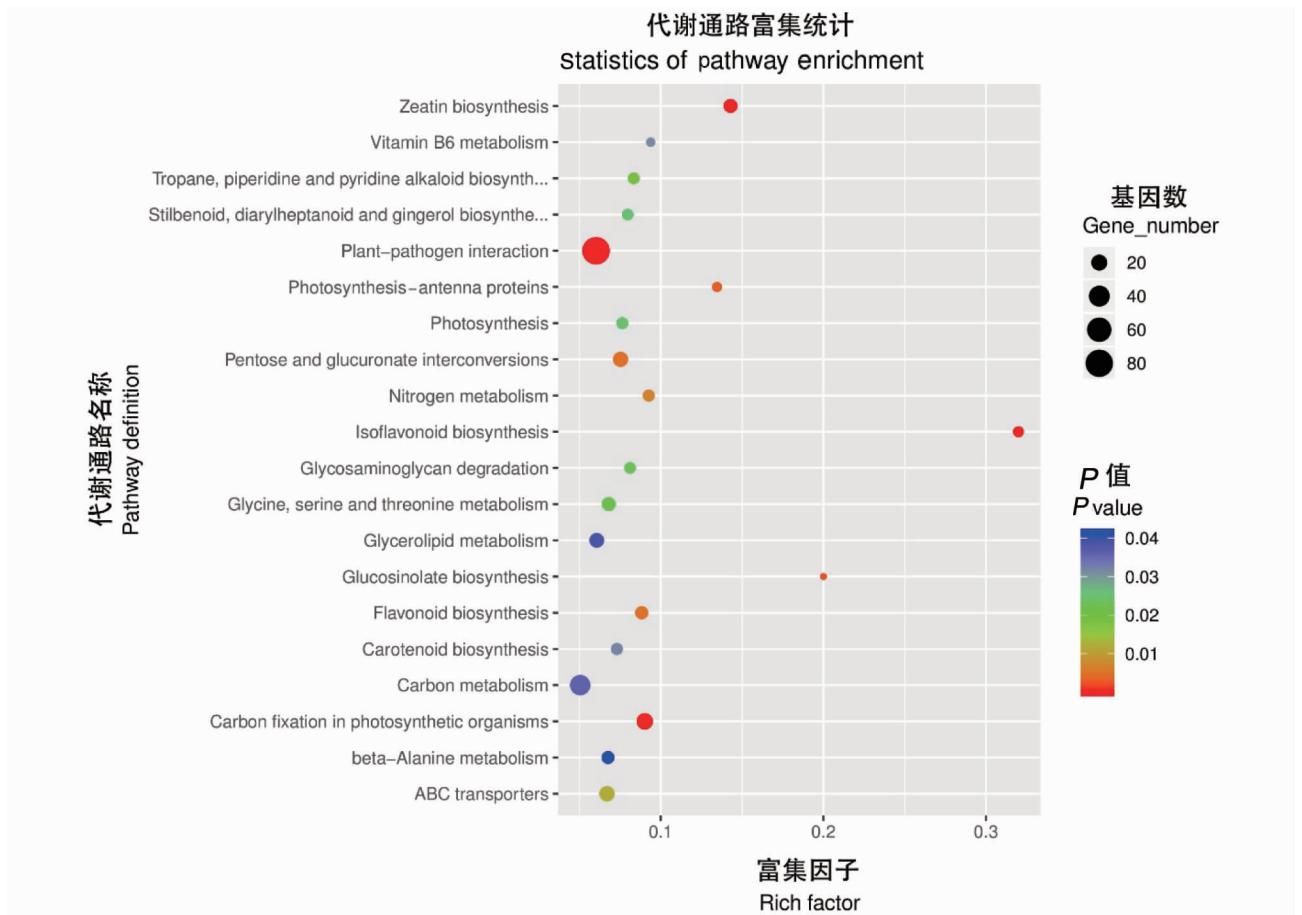


图2 茉莉酸甲酯对微型月季 KEGG 代谢通路的影响

Fig. 2 Effects of methyl jasmonate on KEGG metabolic pathway of miniature rose

表1 水杨酸处理后植物-病原菌相互关系通路显著差异表达基因 KEGG 注释

Table 1 KEGG annotation of genes in plant-pathogen interaction pathway after salicylic acid treatment

KO 条目 KOEntry	基因名 Gene name	表达量比值对数 $\log_2(\text{fold change})$	KO 条目 KOEntry	基因名 Gene name	表达量比值对数 $\log_2(\text{fold change})$
K02183	<i>At1g08880/KIC/HIS2A</i>	1.99/-1.23/1.19	K16224	<i>WAK5/At1g67720/At5g49770</i>	1.12/1.25/2.20
K04079	<i>HSP82/HSP83A/HSP90-1</i>	1.19/1.96,2.01,2.03/1.38,1.31	K13432	<i>ABR1</i>	-1.15
K05391	<i>CNGC5/CNGC10/CNGC1/AKT2</i>	-1.02/-1.01/1.22,1.03/1.07	K13434	<i>DREB1D/ERF003/ERF023/WIN1/CRF4/DREB3</i>	1.27/1.41/4.88/3.81/1.89/1.99
K09422	<i>MYB306/MYB108</i>	1.05/-2.38	K16225	<i>WRKY70/WRKY41</i>	1.81/-2.02
K09487	<i>HSP90</i>	1.37	K13447	<i>FRO8/RBOHC/FRO7/FRO5/RBOHA</i>	-1.39/-1.34/-7.71/-1.54/-1.91
K13412	<i>PPCK1/STN7/PDPK2/STK38L/GPK9/CRK5</i>	-2.50/1.15/2.57/1.54/-1.08/1.87	K13448	<i>CML50/CML25</i>	1.38/1.57
K13414	<i>WNK1/NEK2/MEKK1/WNK5/MAPKKK5</i>	2.00/1.32/-1.75/-2.27/-1.22,-1.02	K13457	<i>sll0005/TRX2/RGA1/RPM1/RPPL1</i>	1.07/-2.66/1.90/-1.28/1.28
K13430	<i>PBL8/PBL9/PERK8/SELMO-DRAFT_444075/At1g01540/TMK1/PIX7/PERK1/At4g34500/LRK10L-1.1/PERK2/CRCK1/PBL2/BIK1/ALE2/At1g63430/THE1/WAKL14/CRCK2</i>	1.33/-1.17/1.22/3.87/1.04/3.90,2.06,1.13/1.99,1.70/-1.62/1.14,2.03/1.14/-1.74,-2.28/-1.15/-1.83/-2.69/-1.28/4.70,2.44/1.80/1.80/-1.22,-1.67/-1.20	K13459	<i>At5g66900/At4g27190/RGA3/PERK1/RCD1/RFL1</i>	1.70/1.29/1.50/1.01/-1.03/1.27
K13420	<i>ERECTA/PERK9/At2g24130/At3g47570</i>	3.79/1.40/-1.65/1.15	K13416	<i>At1g07650/At2g23950/ERECTA/PXC1/At4g37250/At5g63710/IRK/At4g31250/NIK3/FEI1/RBK2/SERK2/At2g26730/SERK1</i>	-1.33/1.13/3.22/2.71/-1.39/-1.07/1.11/1.88/2.13/1.26/-2.40/2.24/2.36/1.44
K13424	<i>WRKY24/WRKY75</i>	-1.99/-2.10	K13436	<i>CLV1/NQR/WAKL8/At1g28390/RKF3/CR4</i>	2.73/-1.33/-2.41/1.44/1.41/1.25
K18834	<i>WRKY40</i>	-1.22	K13425	<i>WRKY65/WRKY22</i>	-1.50/1.78
K13427	<i>NOA1</i>	1.85	K18873	<i>PBL5</i>	-2.31
K13429	<i>At5g10020/LYK3</i>	2.10/1.42	K18875	<i>PAD4</i>	-1.63
			K18880	<i>ECI2</i>	1.06

水杨酸和茉莉酸甲酯均可以通过植物-病原菌相互关系通路提升植物抗性,尤其是提升抵抗病原菌的能力<sup>[19]</sup>,也可

以产生系统性获得抗性(systemic acquired resistance,SAR)。SAR可以长效提升植物抗性和缓解植物受到的非生物胁迫。

表 2 茉莉酸甲酯处理后植物-病原菌相互关系通路显著差异表达基因 KEGG 注释

Table 2 KEGG annotation of genes in Plant-pathogen interaction pathway after methyl jasmonate treatment

KO 条目 KOEntry	基因名 Gene name	表达量比值对数 log <sub>2</sub> (fold change)	KO 条目 KOEntry	基因名 Gene name	表达量比值对数 log <sub>2</sub> (fold change)
K09422	<i>MYB108</i>	-1.48	K05391	<i>KAT1/MEKK1</i>	1.45/1.94/
K13448	<i>CML2/CML3/CML38/CML25/ CML19/CML48</i>	-1.22/-2.09,-2.13/-2.11/ 1.96/-1.99/-1.39	K16224	<i>At1g06840/WAK5/At1g51880</i>	1.17/-1.60/1.32
K16225	<i>WRKY53/WRKY70/WRKY41</i>	-1.47/-1.18/-3.15	K04368	<i>MKK9</i>	1.88/
K18875	<i>PAD4/FH8/SAG101</i>	-1.43/-1.59/1.35	K13424	<i>WRKY24/WRKY48</i>	-1.06/-1.59/
K13430	<i>SELMODRAFT_444075/FER/ IKU2/PERK1/At2g39360/ LRK10L-1.1/PBL10/PERK2/ PBL16/At1g53440/THE1/ PUB34/At1g06840/PBL19</i>	1.07/1.10,-2.28/-1.16/ -1.00/-1.47/-1.37,-1.76/ 1.00/-1.41/-1.01/1.19/ -1.19/-1.08,1.13/1.18/ -1.37	K13420	<i>At2g24130</i>	-3.90
K18835	<i>WRKY40</i>	-1.16	K02183	<i>CAM72/KIC/Eip63F-1/PBP1</i>	-1.30/-1.11/-1.27/-1.00
K13459	<i>At4g27190/NAP1,2/PERK1/RFL1</i>	1.04/1.52/-1.09/1.01	K13434	<i>ERF109/DREB1D/ERF061/ ERF003/DREB3/DREB1B</i>	-1.85/-3.01/-1.18/1.71/ -2.13/-2.36
K13436	<i>CLV1/NQR/WAKL8/CR4</i>	1.21/-1.32/-1.13/-1.64	K13447	<i>RBOHD</i>	-2.01
K13457	<i>RPP13LA/sll1770/RGA3/ RPM1/RPP8L2</i>	-2.50,-2.42/-1.59/1.08/ 1.08,-1.10/-1.81	K13432	<i>ERF060</i>	1.09
			K13416	<i>At4g31250/FER/WAKL1/ At1g53430</i>	1.84/1.30/-1.05/1.45
			K18834	<i>WRKY40</i>	-1.79
			K18873	<i>PBL5</i>	-1.13

表 3 植物-病原菌相互关系通路差异表达基因与微卫星序列连锁分析

Table 3 Linkage analysis of differentially expressed genes in plant-pathogen interaction pathway and microsatellite sequences

处理 Treatment	基因 Gene	微卫星序列 SSR sequences	处理 Treatment	基因 Gene	微卫星序列 SSR sequences
SA	<i>MYB306</i>	(TA) <sub>6</sub>	SA	<i>WRKY22</i>	(CT) <sub>6</sub> , (ACC) <sub>5</sub> , (T) <sub>16</sub>
SA	<i>At2g23950</i>	(TTC) <sub>6</sub>	SA	<i>AKT2</i>	(TCA) <sub>8</sub>
SA	<i>At1g01540</i>	(TC) <sub>9</sub>	SA	<i>CRCK2</i>	(TC) <sub>8</sub> , (TC) <sub>12</sub>
SA	<i>WRKY65</i>	(CCT) <sub>6</sub> , (CT) <sub>7</sub>	MeJA	<i>MYB108</i>	(CTT) <sub>5</sub>
SA	<i>PIX7</i>	(CT) <sub>14</sub>	MeJA	<i>WRKY53</i>	(A) <sub>16</sub> , (ATA) <sub>5</sub>
SA	<i>At1g08880</i>	(CT) <sub>12</sub>	MeJA	<i>CML2</i>	(TTC) <sub>8</sub>
SA	<i>MYB108</i>	(CT) <sub>12</sub> , (A) <sub>13</sub>	MeJA	<i>CML3</i>	(CTT) <sub>8</sub>
SA	<i>PPCK1</i>	(CTC) <sub>5</sub>	MeJA	<i>ERF109</i>	(TAAAAA) <sub>4</sub>
SA	<i>SELMODRAFT</i>	(GTA) <sub>6</sub>	MeJA	<i>WRKY40</i>	(AAC) <sub>13</sub>
SA	<i>LYK3</i>	(AAC) <sub>6</sub>	MeJA	<i>ERF061</i>	(ACC) <sub>6</sub>
SA	<i>HSP83A</i>	(GAA) <sub>5</sub>	MeJA	<i>PBL10</i>	(CTT) <sub>6</sub>
SA	<i>PDPK2</i>	(CT) <sub>9</sub> , (TGG) <sub>5</sub>	MeJA	<i>CML48</i>	(TTC) <sub>6</sub>
SA	<i>WNK5</i>	(ACC) <sub>6</sub> , (ATC) <sub>6</sub>	MeJA	<i>WRKY48</i>	(CAC) <sub>5</sub> , (CAG) <sub>6</sub>
SA	<i>At4g27190</i>	(A) <sub>14</sub>	MeJA	<i>PUB34</i>	(T) <sub>15</sub>
SA	<i>At1g28390</i>	(GGA) <sub>6</sub>	SA/MeJA	<i>WRKY24</i>	(CTCCT) <sub>4</sub> , (AAC) <sub>7</sub>
SA	<i>At2g26730</i>	(AG) <sub>12</sub> , (T) <sub>17</sub>	SA/MeJA	<i>NQR</i>	(GA) <sub>12</sub>
SA	<i>SERK1</i>	(CT) <sub>8</sub>	SA/MeJA	<i>DREB3</i>	(AG) <sub>10</sub>
SA	<i>ABR1</i>	(GTG) <sub>6</sub>	SA/MeJA	<i>PBL5</i>	(TTC) <sub>7</sub>
SA	<i>HSP83A</i>	(GAA) <sub>5</sub>			

迫<sup>[4,17,20]</sup>。在该研究中,与 CK 相比,水杨酸处理组和茉莉酸甲酯处理组中植物-病原菌相互关系通路中显著差异表达的基因数均为最多,说明该通路对微型月季的抗逆性有着重要作用。在差异表达基因与微卫星序列连锁分析中,有一定数量的 SSR 与植物-病原菌相互关系通路中的差异表达基因相连锁,为开发抗逆性相关代谢通路的分子标记提供了丰富的信息位点。

### 参考文献

[1] 冯欢,易姝利,谢佳恒,等. 微型月季愈伤组织诱导及植株再生[J]. 植物学报,2014,49(5):595-602.

[2] 窦坦德,刘和风. 出口盆栽微型月季的病虫害控制及检疫技术研究[J]. 检验检疫科学,2006,16(S1):55-58.

[3] MÜLLER R, SISLER E C, SEREK M. Stress induced ethylene production, ethylene binding, and the response to the ethylene action inhibitor 1-MCP in miniature roses[J]. Scientia horticulturae, 2000, 83(1):51-59.

[4] HALIM V A, VESS A, SCHEEL D, et al. The role of salicylic acid and jasmonic acid in pathogen defence[J]. Plant biology, 2006, 8(3):307-313.

[5] HORVÁTH E, SZALAI G, JANDA T. Induction of abiotic stress tolerance by salicylic acid signaling[J]. Journal of plant growth regulation, 2007, 26

(3):290-300.

[6] 严俊鑫,迟德富,张永强,等. JA, SA 对重瓣玫瑰生长发育和防御酶活性的影响[J]. 北京林业大学学报,2013,35(3):128-136.

[7] 包颖,魏琳燕,陈超. 水杨酸和茉莉酸甲酯对盐胁迫下月季品种月月粉生理特性的影响[J]. 云南农业大学学报(自然科学),2020,35(6):1040-1045.

[8] POWELL W, MACHRAY G C, PROVAN J. Polymorphism revealed by simple sequence repeats[J]. Trends in plant science, 1996, 1(7):215-222.

[9] 杨梦婷,黄洲,干建平,等. SSR 分子标记的研究进展[J]. 杭州师范大学学报(自然科学版),2019,18(4):429-436.

[10] 杜晓华,杨雅萍,朱小佩,等. 三色堇转录组 SSR 分析及分子标记开发[J]. 园艺学报,2019,46(4):797-806.

[11] 王荣香,徐子健,于平等. 海南粗榧转录组 SSR 特征分析[J]. 分子植物育种,2019,17(6):1951-1957.

[12] EUJAYL I, SORRELLS M E, BAUM M, et al. Isolation of EST-derived microsatellite markers for genotyping the A and B genomes of wheat[J]. Theoretical and applied genetics, 2002, 104(2/3):399-407.

[13] WANG H Y, WEI Y M, YAN Z H, et al. EST-SSR DNA polymorphism in durum wheat (*Triticum durum* L.) collections[J]. Journal of applied genetics, 2007, 48(1):35-42.

[14] BUCHFINK B, XIE C, HUSON D H. Fast and sensitive protein alignment using DIAMOND[J]. Nature methods, 2015, 12(1):59-60.

果形以长筒为主。

第二类(II)分为2个亚类,主要包括2份材料,编号58号材料来自云南,主要特点是株型直立,绿茎,无茎刺、叶刺、果柄萼片刺,茎茸毛多,白花绿皮白肉,果面有光泽,扁圆果,平均单果重29.82g;编号62号材料来自宁夏,主要特点是绿茎,有茎刺,无叶刺、果柄萼片刺,紫花白皮白肉绿萼,卵圆果,平均单果重22.80g。

第三类(III)主要包括2份材料,株型直立,浅紫花,无叶刺,有茎刺和果柄萼片刺,花皮绿白肉绿紫萼,果面无光泽,果形为短筒和长筒。

第四类(IV)分为2个亚类,主要包括4份材料,为近缘野生茄,其中第一亚类包括3份材料,株型直立,有茎刺和果柄萼片刺,叶刺多,紫花,多茸毛,紫茎花皮果,仅61号材料为绿茎紫皮果;第二亚类仅编号60号材料,株型直立,紫茎白花,叶刺多,有茎刺和果柄萼片刺,绿皮,绿紫萼,扁圆果,果面有光泽,平均单果重12.71g。

第五类(V)包括1份材料,半开展,绿紫茎,少叶刺,果柄萼片刺多,无茎刺,紫花,花皮白肉,圆果,果面有光泽,果顶凹。

表5 65份茄子种质资源基于形态学性状的系统聚类分析

Table 5 Morphological traits systematic cluster analysis of 65 eggplant germplasm resources

类 Type	亚类 Subclass	种质资源编号 Germplasm resources number	材料数 Number of materials//份
I	1	1、28、52、55、30、2、3、19、9、29、25、33	12
	2	4、27、53、5、7、18、6、39、31、45、8、36、38、34、40、46、42、43、48、50、23、49、37、47、24、56、10、51、12、14、32、21、26、13、22、20、16、17、11、44、41、54、15、35	44
II	3	58	1
	4	62	1
III	5	63	1
	6	64	1
IV	7	57、61、59	3
	8	60	1
V	9	65	1

### 3 结论与讨论

目前,茄子育种最常规的方法仍然是杂交育种,而亲本选配是杂交育种的基础。性状差异大的亲本杂交能表现出更好的杂种优势。因此,引进的资源需经过在本地试种、评价后才能推广或作为育种材料<sup>[3]</sup>。

该研究采用形态学标记,对65份种质资源20个性状统计分析,发现20个性状在供试材料之间存在丰富的遗传变

异,变异范围在16.40%~102.68%,叶刺变异程度较大,株高变异程度较小,与王佳慧等<sup>[6-8]</sup>结果相一致。另外,果形、单果重、果实纵径、果实横径、果形指数等与果实有关的性状均表现出较高的遗传变异;而果实形状虽多达8种,但以长筒形居多。果皮色、果萼颜色与茎色呈极显著正相关;果萼下颜色与果皮色呈极显著正相关;果肉色与果萼下颜色呈极显著正相关;果形与果肉色、果顶形状呈极显著正相关;单果重与果顶形状、果形呈极显著负相关;果实纵径与果顶形状、果形呈极显著正相关;果实横径与果顶形状、果形、果实纵径呈极显著负相关,与单果重呈极显著正相关。乔军<sup>[9]</sup>利用种内F2群体进行茄子果实性状的QTL定位,最终定位到2个QTLs与果形指数相关,4个QTLs与果长相关,2个QTLs与果径相关。Frery等<sup>[10]</sup>采用CIM算法研究栽培茄与野茄杂交的F2群体主要形态性状,通过基因分型发现4个QTLs与果长相关,分别位于第1、2、7和9连锁群上,果重相关的4个QTLs也分别位于这4个连锁群上。

通过对65份茄子资源聚类分析发现,聚类结果较分散,大致可分为5个大类9个亚类,具有各自不同的性状特征。近缘野生茄与栽培茄与其近缘野生茄能够较好地区分,但栽培茄大部分资源(44份)集中在一个亚类中,划分不理想,说明供试材料间遗传相似性高,遗传基础狭窄。

形态学标记受基因和环境2个因素控制,因此在种质资源评价鉴定上,应结合分子标记等方法,能更加准确地探索和把握茄子种质资源的遗传特性及亲缘关系。

### 参考文献

- [1] 郭守鹏,马村,徐佳宁,等.基于表型性状和SSR标记的茄子种质资源亲缘关系比对分析[J].农业科技通讯,2019(9):162-167,296.
- [2] 郁香荷,章秋平,刘威生,等.中国李种质资源形态性状和农艺性状的遗传多样性分析[J].植物遗传资源学报,2011,12(3):402-407.
- [3] 吕玲玲,李威,肖熙鸥.茄子种质资源主要性状评价及其相关性分析[J].中国农学通报,2016,32(4):165-170.
- [4] 詹园凤,党选民,孙威振,等.茄子果实的主要性状、营养品质及其相关性分析[J].长江蔬菜,2010(12):52-54.
- [5] 庞文龙.茄子果形、果色及果萼色性状的遗传研究[D].北京:中国农业科学院,2008.
- [6] 王佳慧.国外茄子种质资源主要农艺性状鉴定与评价[D].保定:河北农业大学,2012.
- [7] 李鲁俊,姚佳丽,杨凤娟,等.茄子种质资源农艺性状测定与评价[J].山东农业大学学报(自然科学版),2019,50(5):740-746.
- [8] 郭守鹏,田凤玉,苏甲,等.基于表型性状的茄子遗传多样性分析[J].中国园艺文摘,2018,34(3):6-10,133.
- [9] 乔军.茄子果实性状遗传研究及果形QTL定位[D].北京:中国农业科学院,2011.
- [10] FRARY A, FRARY A, DAUNAY M C, et al. QTL hotspots in eggplant (*Solanum melongena*) detected with a high resolution map and CIM analysis[J]. Euphytica, 2014, 197(2): 211-228.

(上接第127页)

- [15] PATRO R, DUGGAL G, LOVE M I, et al. Salmon provides fast and bias-aware quantification of transcript expression[J]. Nature methods, 2017, 14(4): 417-419.
- [16] ROBINSON M D, MCCARTHY D J, SMYTH G K. edgeR: a Bioconductor package for differential expression analysis of digital gene expression data[J]. Bioinformatics, 2010, 26(1): 139-140.
- [17] YASUDA M, ISHIKAWA A, JIKUMARU Y, et al. Antagonistic interaction between systemic acquired resistance and the abscisic acid-mediated abiotic stress response in *Arabidopsis* [J]. Plant cell, 2008, 20(6): 1678-

- 1692.
- [18] 周三,周明,张硕,等.盐生野大豆的异黄酮积累及其生态学意义[J].植物生态学报,2007,31(5):930-936.
- [19] 严俊鑫,迟德富,张永强,等.水杨酸诱导重瓣玫瑰对白粉病的抗性[J].东北林业大学学报,2013,41(8):95-101.
- [20] BISWAS C, DEY P, KARMAKAR P G, et al. Next-generation sequencing and micro RNAs analysis reveal SA/MeJA/ABA pathway genes mediated systemic acquired resistance(SAR) and its master regulation via production of phased, trans-acting siRNAs against stem rot pathogen *Macrophomina phaseolina* in a RIL population of jute (*Corchorus capsularis*) [J]. Physiological and molecular plant pathology, 2014, 87: 76-85.