

高油酸花生开选016衍生品种的遗传多样性自动化分析

郭敏杰, 邓 丽, 殷君华, 苗建利, 李 阳, 芦振华, 李绍伟, 任 丽*

(开封市农林科学研究院, 河南 开封 475000)

摘 要: 开选016是我国高油酸花生育种的骨干亲本, 通过引进国外优异种质资源诱变而成, 已被多家科研育种单位加以利用。为简化品种遗传多样性分析, 本研究以开选016衍生的30个高油酸花生品种为例, 利用R语言搭建了基于系谱关系计算亲缘关系系数(COP)和聚类分析的自动化平台。以开选016为直接或间接亲本育成的30个高油酸花生品种中, 70%的品种与开选016的COP为0.5, 其他30%则为0.25。自动化分析结果显示, 30个衍生高油酸花生品种间COP为0~0.75, 平均0.234; 它们被分为6个类群, 同一育种单位培育的系列品种很大程度上归为一类。综合分析, 开选016在我国花生品质改良中发挥了重要作用, 搭建的亲缘关系和聚类自动化平台加快了品种的遗传多样性分析进程, 为新品种选育提供了重要参考。

关键词: 花生; 开选016; 高油酸; 遗传多样性; 自动化平台

中图分类号: S565.2

文献标识码: A

文章编号: 2096-5877(2023)03-0033-05

Automatic Analysis of Genetic Diversity of High Oleic Acid Peanut Kaixuan 016 Derivatives

GUO Minjie, DENG Li, YIN Junhua, MIAO Jianli, LI Yang, LU Zhenhua, LI Shaowei, REN Li*

(Kaifeng Research Academy of Agriculture and Forestry, Kaifeng 475000, China)

Abstract: Kaixuan 016 is a backbone parent for breeding high oleic acid peanuts in China, which is induced by introducing excellent foreign germplasm resources and has been used by many scientific research breeding units. In order to simplify the program of genetic diversity, thirty high oleic acid varieties derived from Kaixuan 016 were selected as an example, and an automated platform based on pedigree to calculate coefficient of parentage (COP) and cluster analysis was built using R language. Among the thirty derivatives, 70% of them had a COP of 0.5 with Kaixuan 016, and the other 30% had a COP of 0.25. The automatic platform showed the range of COP between the derivatives was from 0 to 0.75, with an average of 0.234. Cluster analysis distributed thirty varieties into six groups and the varieties bred by the same unit were likely clustered into one category. In conclusion, Kaixuan 016 has played an important role in improving the quality of peanuts in China. The automated platform for COP and clustering accelerated the process of genetic diversity analysis and provided an important reference for breeding new varieties.

Key words: Peanut; Kaixuan 016; High oleic acid; Genetic diversity; Automated platform

花生起源于南美洲^[1], 目前已广泛分布于世界100多个国家和地区。作为我国第二大油料作物, 花生全年种植面积462万公顷^[2]。随着人民生活水平的提高, 对高品质花生的需求也日益增多,

高油酸花生具有品质佳、耐贮藏、降低心血管疾病风险和性价比高等优点^[3-6], 越来越受到人们的青睐。与国外相比, 我国高油酸花生育种起步较晚但发展迅速, 这主要归功于优良亲本的培育, 如SPI098、P76、CTWE和开选016^[7], 其中开选016在我国花生育种中占据重要位置, 已然成了高油酸花生育种的骨干亲本。目前我国由开选016衍生的高油酸花生品种高达30余个, 占总数的30%以上, 由它育成的开农H03-3实现了我国高油酸花生品种通过省级鉴定的零突破^[8]。品种的遗传多样性分析很大程度上都是依赖于分子标记手

收稿日期: 2020-07-22

基金项目: 国家花生产业技术体系项目(CARS-13); 河南省农业良种联合攻关项目(20220100001); 开封市科技计划重点研发专项(22ZDYF008)

作者简介: 郭敏杰(1989-), 女, 助理研究员, 硕士, 主要从事花生遗传育种及分子生物学研究。

通讯作者: 任 丽, 女, 研究员, E-mail: renli120@sina.com

段^[9-14],操作起来成本较高,本研究利用R语言搭建了基于系谱关系的分析品种遗传多样性的自动化平台,利用清晰的系谱关系即可迅速获得品种间的COP及聚类分析结果,能够使育种家快速了解已有品种的遗传基础,从而为下一步育种工作提供参考和指导。

1 开选016的选育及其衍生高油酸材料

1.1 高油酸花生骨干亲本开选016的选育

开选016是利用国外花生资源AT1-1培育的高油酸花生育种材料^[15-16]。自1996年确定高油酸花生这一育种目标后,先后开展了多次国际合作,2000年对AT1-1进行诱变,通过加代、鉴定与筛选,于2003年成功培育出适合我国种植의半蔓型高油酸花生品种开选016。从图1中可以看出,二者在表型上发生了显著的变化,株型由蔓生变为半蔓生,分枝数明显增多,荚果由普通形变为

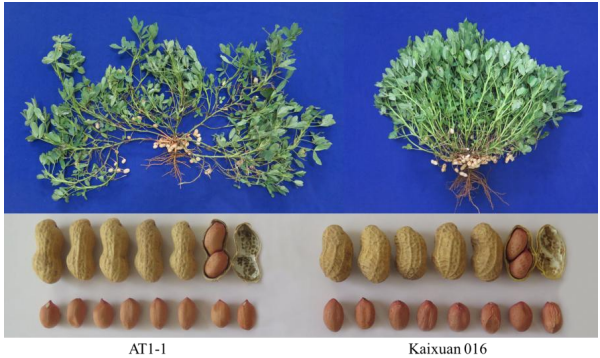


图1 AT1-1与开选016的植株、荚果表型差异

茧形,籽仁由椭圆形变为珍珠豆形,油酸含量基本不变,为81.00%。

1.2 开选016衍生高油酸花生品种的亲缘关系

截至2018年底,开选016衍生的高油酸花生品种有30个。各品种的名称、类型、系谱、品质、审(鉴)定/登记编号及育成单位信息见表1。

由开选016衍生的30个高油酸花生品种中,

表1 开选016衍生高油酸花生品种

品种	类型	系谱	油酸 含量(%)	油亚比	审(鉴)定/登记编号	育成单位
开农H03-3	普通型	K9508-1/开选016	86.10	29.14	皖品鉴登字第0605006	开封市农林科学研究院
开农61	普通型	开农30/开选016	76.01	9.56	豫审花2012001	开封市农林科学研究院
开农176	普通型	开农30/开选016	76.80	11.13	国品鉴花生2013001 豫审花2013002	开封市农林科学研究院
开农1715	普通型	开农30/开选016	75.60	10.88	国品鉴花生2014002	开封市农林科学研究院
开农58	普通型	开农30/开选016	79.40	20.89	鄂审油2014006	开封市农林科学研究院
开农71	普通型	开农30/开选016	76.45	11.91	豫审花2015002	开封市农林科学研究院
开农301	中间型	开8834-9/开选016	74.45	10.50	GPD peanut (2017)410029	开封市农林科学研究院
开农1768	中间型	开农30/开选016	75.90	11.73	GPD peanut (2017)410034	开封市农林科学研究院
开农1760	中间型	开农30/开选016	76.40	11.56	GPD peanut (2017)410008	开封市农林科学研究院
冀花11号	普通型	冀花5号/开选016	80.70	26.03	GPD peanut (2018)130072	河北省农林科学院粮油作物研究所; 开封市农林科学研究院
冀花13号	普通型	冀花6号/开选016	79.60	19.40	国品鉴花生2014005 国品鉴花生2015008	河北省农林科学院粮油作物研究所; 开封市农林科学研究院
冀花16号	普通型	冀花6号/开选016	79.25	20.60	国品鉴花生2015006	河北省农林科学院粮油作物研究所; 开封市农林科学研究院
冀花18号	普通型	冀花5号/开选016	77.50	18.85	国品鉴花生2016009	河北省农林科学院粮油作物研究所; 开封市农林科学研究院
冀花19号	普通型	冀花6号/开选016	75.35	10.55	国品鉴花生2016004	河北省农林科学院粮油作物研究所; 开封市农林科学研究院
冀花21号	普通型	冀花6号/开选016	80.40	24.36	GPD peanut (2018)130096	河北省农林科学院粮油作物研究所; 开封市农林科学研究院
中花24	中间型	中花16/开选016	78.90	35.30	国品鉴花生2015007	中国农业科学院油料作物研究所; 开封市农林科学研究院
中花26	普通型	中花16/开选016	78.60	21.77	GPD peanut (2018)420004	中国农业科学院油料作物研究所

续表 1

品种	类型	系谱	油酸 含量(%)	油亚比	审(鉴)定/登记编号	育成单位
天府33	中间型	中花16/开选016	75.30	13.45	川审油2016014	南充市农业科学院; 中国农业科学院油料作物研究所
豫花37号	珍珠豆型	海花1号/开选016	78.00	12.71	豫审花2015011	河南省农业科学院经济作物研究所
豫花65号	普通型	开选016/海花1号	77.64	11.91	GPD peanut (2018)410032	河南省农业科学院经济作物研究所
豫花76号	珍珠豆型	豫花14号/开选016	80.60	22.39	GPD peanut (2018)410159	河南省农业科学院经济作物研究所
荷花11号	普通型	P09-2/冀0607-19	80.20	26.21	GPD peanut (2018)370336	菏泽市农业科学院
三花6号	珍珠豆型	鲁花11号/开农176	80.40	29.45	GPD peanut (2018)410194	河南省三九种业有限公司
三花7号	普通型	花育19号/开农176	78.90	20.39	GPD peanut (2018)410284	河南省三九种业有限公司
宇花31号	中间型	鲁花11号/开农1715	80.60	33.03	GPD peanut (2018)370211	青岛农业大学
宇花32号	中间型	花育22号/开农176	79.40	27.01	GPD peanut (2018)370213	青岛农业大学
宇花33号	中间型	花育22号/开农176	80.30	24.78	GPD peanut (2018)370212	青岛农业大学
宇花91号	中间型	鲁花11号/开农1715	80.40	32.16	GPD peanut (2018)370210	青岛农业大学
易花1314	普通型	花育23号/冀花11号	79.20	26.23	GPD peanut (2018)130151	保定市易园生态农业科技 开发有限公司
花育917	中间型	开农176/河北高油	84.49	43.78	GPD peanut (2018)370401	山东省花生研究所

21个品种由开选016直接选育,占总数的70%,与开选016的亲缘关系系数为0.5;9个品种是间接选育而来,占总数的30%,与开选016的亲缘关系

系数为0.25。从图2可以看出衍生高油酸花生品种与开选016的亲缘关系较近,亲本的利用范围较窄。

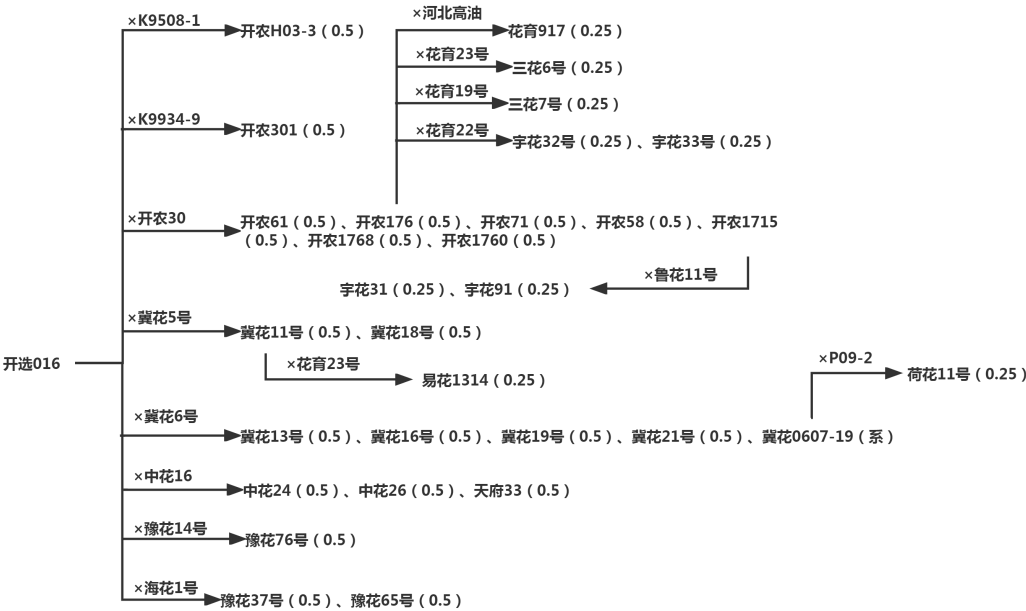


图2 开选016与衍生高油酸花生品种间的系谱关系

2 亲缘关系系数和聚类分析自动化计算平台的构建

2.1 自动化分析平台搭建

本文自动化平台是基于R语言的openxlsx、amap、nativ、cluster包^[17-20]搭建的。程序包含载入软件包、读取数据和构建亲缘关系矩阵、可视化呈现。

2.2 自动化分析流程

将需要计算的品种和亲本的样本数据在Excel中整理出来(图3A),保存。打开网址: https://breeding.shinyapps.io/gz_abp/。将数据浏览上传(图3B),点击Download the matrix,即可得到亲缘关系系数数据,主界面也可得到聚类分析结果(图3C)。



图3 亲缘关系系数和聚类分析自动化的流程

3 开选016衍生高油酸花生品种的COP和聚类分析自动化

利用搭建的自动化平台分析30个衍生高油酸花生品种间的亲缘关系,结果显示,30个品种

构成一个30×30的矩阵,共有435对(图4)。亲缘关系系数为0~0.750,平均0.234。同一系列品种的亲缘关系系数相对较高。开农系列高油酸花生品种的平均亲缘关系系数为0.432,冀花系列品种间平均为0.396。

Varieties	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7	V8	V9	V10	V11	V12	V13	V14	V15	V16	V17	V18	V19	V20	V21	V22	V23	V24	V25	V26	V27	V28	V29	V30
V1	1.000																													
V2	0.250	1.000																												
V3	0.250	0.250	1.000																											
V4	0.250	0.250	0.563	1.000																										
V5	0.250	0.250	0.563	0.563	1.000																									
V6	0.250	0.250	0.563	0.563	0.563	1.000																								
V7	0.250	0.250	0.563	0.563	0.563	0.563	1.000																							
V8	0.250	0.250	0.563	0.563	0.563	0.563	0.563	1.000																						
V9	0.250	0.250	0.563	0.563	0.563	0.563	0.563	0.563	1.000																					
V10	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	1.000																				
V11	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.563	1.000																			
V12	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	1.000																		
V13	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.563	1.000																
V14	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.563	0.563	1.000															
V15	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.563	0.563	0.563	1.000														
V16	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	1.000													
V17	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.563	1.000												
V18	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.563	0.563	1.000											
V19	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	1.000										
V20	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	1.000								
V21	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.563	1.000							
V22	0.125	0.125	0.281	0.500	0.281	0.281	0.281	0.281	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	1.000					
V23	0.125	0.125	0.281	0.500	0.281	0.281	0.281	0.281	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.250	1.000					
V24	0.125	0.125	0.281	0.500	0.281	0.281	0.281	0.281	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.250	0.563	1.000				
V25	0.125	0.125	0.281	0.500	0.281	0.281	0.281	0.281	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.250	0.250	0.563	1.000			
V26	0.125	0.125	0.281	0.500	0.281	0.281	0.281	0.281	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.250	0.250	0.563	0.563	1.000		
V27	0.125	0.125	0.281	0.281	0.281	0.281	0.281	0.281	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	1.000	
V28	0.125	0.125	0.281	0.281	0.281	0.281	0.281	0.281	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.563	1.000	
V29	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.500	0.281	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.063	0.313	0.063	0.063	0.063	0.063	1.000
V30	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.281	0.281	0.281	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.063	0.063	0.063	0.063	0.063	0.063	0.063	1.000

注: V1~V30表示按照表1顺序的各个品种名称

图4 衍生高油酸花生品种间的亲缘关系系数

由图5可知,在欧氏距离为1.3处,30个衍生高油酸花生品种被分为6个类群;荷花11号单独聚为A类群;B类群中的7个品种均来自同一组合均为开农系列品种,平均亲缘关系系数为0.563;宇花91和宇花31组成C类群;开农176是D类群的一个亲本,群内品种之间有密切的关系;E类群的3个品种由冀花5号直接或间接衍生而来;F类群由天府33号等12个品种组成,占总数的40%。

4 讨论与结论

目前,中国高油酸花生的种植面积正在以400%的幅度增加,专家们对其发展前景表示乐观。高油酸花生新品种的育成对于提高我国花生油品质具有重要意义,提高花生及其制品的油酸含量是改进产品营养价值和保障质量安全的关键。开选016作为高油酸花生骨干亲本,已被多

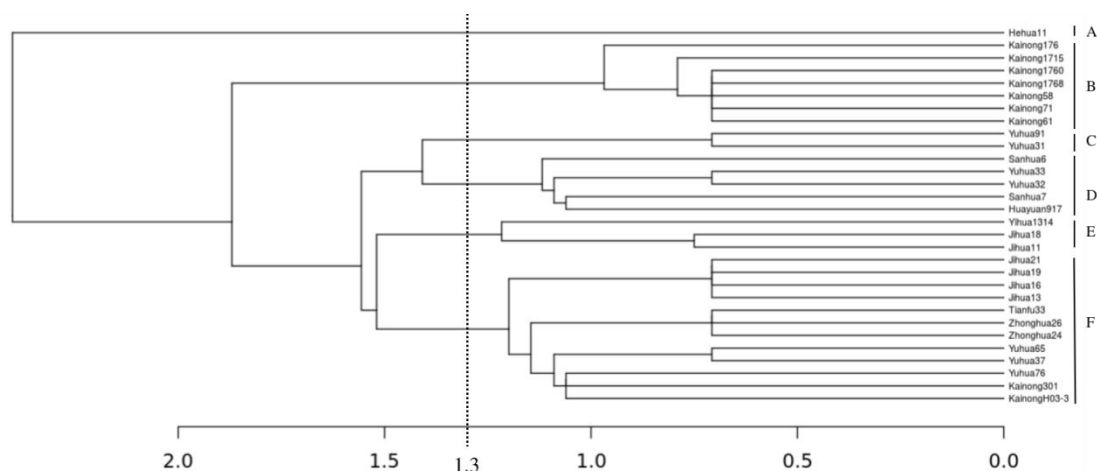


图5 衍生高油酸花生品种的聚类分析图

家科研机构引用,培育了一大批高产优质花生新品种。利用我们搭建的COP和聚类分析平台可以快速有效地宏观了解品种的遗传基础,从对30个高油酸花生品种的聚类分析结果来看,品种间的COP较高,遗传基础不够广泛,尤其是同一育种单位的系列品种遗传基础狭窄,开选O16的利用范围需要进一步扩大。随着Tifrunner和伏花生基因组测序的完成^[21-22],研究高油酸基因的代谢调控途径变得非常紧迫,下一步将开展的开选O16从头测序及其衍生品种的重新测序的基因组分析工作,为我国高油酸花生骨干亲本的进一步利用提供有力参考。

参考文献:

- [1] Hammons R O, Herman D, Stalker H T. Peanuts: Genetics, Processing, and Utilization[M]. London: Academic Press, 2016: 1-26.
- [2] 中华人民共和国农业农村部. 中国农业统计资料[DB/OL]. (2018-12-31) [2020-06-30]. <http://zdsccx.moa.gov.cn:8080/misportal/public/agricultureIndexRedStyle.jsp>.
- [3] Smith G D, Song F, Sheldon T A, et al. Cholesterol lowering and mortality: the importance of considering initial level of risk. British Medical Journal[J]. 1993, 306:1367-1373.
- [4] Uematsu T, Parkanyiova L, Endo T, et al. Effect of the unsaturation degree on browning reactions of peanut oil and other edible oils with proteins under storage and frying conditions [J]. International Congress, 2002, 1245:445-446.
- [5] O' Keefe S F, Wiley V A, Knauff D A. Comparison of oxidative stability of high and normal-oleic peanut oils[J]. Journal of the American Oil Chemists' Society, 1993, 70(5):489-492.
- [6] Davis J P, Dean L O, Faircloth W H, et al. Physical and chemical characterizations of normal and high oleic acid oils from nine commercial cultivars of peanut [J]. Journal of the American Oil Chemists' Society, 2008, 85(3):235-243.
- [7] 王传堂,朱立贵. 高油酸花生[M]. 上海:上海科学技术出版社, 2017: 190-257.
- [8] 国家花生数据中心. 品种&系谱[DB/OL]. (2010-08-30)[2023-07-04]. <http://peanut.cropdb.cn/variety/varis/600440.htm>.
- [9] 吴淦生,郑用琰,孙 荣,等. 基于SSR标记的云南糯玉米、

爆裂玉米地方种质遗传多样性研究[J]. 作物学报, 2004, 30(1): 36-42.

- [10] 沈 琰,王 颖,张东杰,等. 黑龙江省和吉林省谷子品种遗传多样性分析[J]. 东北农业科学, 2016, 41(3): 8-13.
- [11] 万述伟,宋风景,郝俊杰,等. 271份豌豆种质资源农艺性状遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2017, 18(1): 10-18.
- [12] 白彦明,李 龙,王绘艳,等. 蚂蚱麦和小白麦衍生系的遗传多样性分析[J]. 作物学报, 2019, 45(10): 1468-1477.
- [13] Ren X P, Jiang H F, Yan Z Y, et al. Genetic diversity and population structure of the major peanut (*Arachis hypogaea* L.) cultivars grown in China by SSR markers [J]. PloS One, 2014, 9: e88091.
- [14] 杨 彬,杨 烈. 黑米种皮色素的遗传分析和分子标记[J]. 东北农业科学, 2015, 40(3): 14-17.
- [15] 任 丽,谷建中,邓 丽,等. 高油酸花生亲本开选O16的选育与应用[J]. 农业科技通讯, 2017(6): 282-284.
- [16] 谷建中,郭敏杰,邓 丽,等. 基于亲缘系数的高油酸花生骨干亲本开选O16的育种价值分析[J]. 河南农业科学, 2018, 47(9): 53-58.
- [17] Schauburger P, Walker A. openxlsx: Read, Write and Edit xlsx Files[DB]. R package version 4.1.3, 2020. <https://CRAN.R-project.org/package=openxlsx>.
- [18] Lucas A. amap: Another Multidimensional Analysis Package [DB]. R package version 0.8-18, 2019. <https://CRAN.R-project.org/package=amap>.
- [19] Wolak M E. nadv: an R package to create relatedness matrices for estimating non-additive genetic variances in animal models [J]. Methods in Ecology and Evolution, 2012, 3(5):792-796.
- [20] Maechler M, Rousseeuw P, Struyf A, et al. Cluster: cluster analysis basics and extensions[DB]. R package version 2.1.2, 2021. <https://CRAN.R-project.org/package=cluster>.
- [21] Bertoli D J, Jenkins J, Clevenger J, et al. The genome sequence of segmental allotetraploid peanut *Arachis hypogaea* [J]. Nature Genetics, 2019, 51: 877-884.
- [22] Zhuang W J, Chen H, Yang M, et al. The genome of cultivated peanut provides insight into legume karyotypes, polyploid evolution and crop domestication [J]. Nature Genetics, 2019, 51: 865-876.

(责任编辑:刘洪霞)