姚越铿,王文静,眭美兰,等.基于表型性状与SCoT标记的三清山野生葛遗传多样性分析[J].江西农业大学学报,2026,48(4):1090-1102.
Yao Y K,Wang W J,Sui M L,et al.Genetic diversity of wild kudzu in Sanqing Mountain based on phenotypic traits and SCoT markers[J].Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis,2026,48(4):1090-1102.

基于表型性状与SCoT标记的三清山野生葛遗传多样性分析

姚越铿[1],王文静[1*],眭美兰[1],尹丰蕊[1],葛　菲[2],肖旭峰[1*],刘　艳[3]

(1.江西农业大学 农学院,江西 南昌 330045;2.江西中医药大学 药学院,江西 南昌 330004;3.江西省上饶以琳生态农业有限公司,江西 上饶 334000)

摘要:【目的】系统评价江西省三清山地区野生葛资源的遗传多样性,为其科学保护与高效育种提供理论依据。【方法】以54份三清山野生葛种质为材料,连续2个花期观测35个表型性状(12个数量性状、23个质量性状),并利用15条SCoT分子标记进行遗传分析。【结果】供试种质的表型性状表现出丰富的变异,其中主茎直径的变异系数最大,达45.88%。在遗传多样性方面,顶生小叶缺刻程度的Shannon-Wiener指数最高(1.74),表明其丰富度较高。主成分分析结果显示,前10个主成分累积贡献率达76.73%,其中花部结构(PC1)和叶片大小(PC2)是表型变异的主要来源。SCoT标记的多态性比率为100.00%,平均Nei's基因多样性指数(H)为0.225 5。聚类分析进一步显示,供试种质在表型水平上可分为5个类群,而在分子水平可分为7类,罕见的白花粉葛种质YSYR004与YSSM001表现出较近的亲缘关系。【结论】筛选出YSYR004(白花)、YSSGQ009(综合性状优)等具有特异性状或优良综合性状的核心种质,可为葛种质资源保护、核心种质库构建以及分子标记辅助育种提供材料与理论支持。

关键词:野生葛;种质资源;表型多样性;SCoT分子标记;聚类分析;三清山;核心种质
中图分类号:S632.9　　**文献标志码:**A　　**开放科学(资源服务)标识码(OSID):**
文章编号:1000-2286(2026)04-1090-13
CSTR:32399.14.aauj.2026088

Genetic diversity of wild kudzu in Sanqing Mountain based on phenotypic traits and SCoT markers

Yao Yuekeng[1], Wang Wenjing[1*], Sui Meilan[1], Yin Fengrui[1], Ge Fei[2], Xiao Xufeng[1*], Liu Yan[3]

(1.School of Agronomy, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China; 2.College of Pharmacy, Jiangxi University of Chinese Medicine, Nanchang 330004, China; 3.Shangrao Yilin Ecological Agriculture Co., Ltd., Shangrao, Jiangxi 334000, China)

收稿日期:2026-02-24　　**修回日期:**2026-04-20　　**接受日期:**2026-04-26
基金项目:江西省葛产业技术体系——栽培岗位(JXARS-16)和江西省自然科学基金重点项目(20242BAB26097)
Project supported by the Jiangxi Province Pueraria Industry Technology System-Cultivation Position(JXARS-16) and the Key Project of Jiangxi Provincial Natural Science Foundation(20242BAB26097)
作者简介:姚越铿,硕士生,orcid.org/0009-0007-6942-218X,2240347056@qq.com;*共同第一作者;*通信作者:肖旭峰,教授,博士,主要从事蔬菜栽培生理研究,orcid.org/0000-0001-5527-5384,xiaoxf@jxau.edu.cn。
©《江西农业大学学报》编辑部,开放获取CC BY-NC-ND协议

Abstract: [**Objective**] This study aims to systematically evaluate the genetic diversity of wild kudzu [*Pueraria montana* (Lour.) Merr.] resources in the Sanqing Mountain of Jiangxi Province, so as to provide a theoretical basis for their scientific conservation and efficient breeding. [**Method**] A total of 54 wild kudzu germplasms from Sanqing Mountain were used as materials. Thirty-five phenotypic traits (12 quantitative and 23 qualitative traits) were observed over two consecutive flowering periods, and genetic analysis was carried out using 15 SCoT molecular markers. [**Result**] Phenotypic traits showed rich variation, with the main stem diameter having the highest coefficient of variation (45.88%). The terminal leaflet incision depth exhibited the highest Shannon-Wiener index (1.74), indicating the richest genetic diversity. The cumulative contribution rate of the first ten principal components reached 76.73%, with floral structure (PC1) and leaf size (PC2) being the main sources of variation. The polymorphism rate of SCoT markers was 100.00%, with an average Nei's gene diversity index (H) of 0.225 5. Cluster analysis showed that the tested germplasms could be divided into 5 groups at the phenotypic level and 7 groups at the molecular level. The rare white-flowered germplasm YSYR004 was closely related to YSSM001 in molecular clustering. [**Conclusion**] Core germplasms with outstanding specific traits or excellent comprehensive traits, such as YSYR004 (white flower) and YSSGQ009 (comprehensive superiority), were screened out. This provides important material support and a theoretical basis for future germplasm conservation, core collection construction, and molecular marker-assisted breeding in kudzu.

Keywords: wild kudzu; germplasm resources; phenotypic diversity; SCoT markers; cluster analysis; Sanqing mountain; core germplasm

【研究意义】葛[*Pueraria montana* (Lour.) Merr.]是我国传统的中药材和药食同源作物,其块根富含葛根素、大豆苷等异黄酮类成分,具有解肌退热、生津止渴、通经活络之功效,在中医临床、功能性食品及保健品开发中应用广泛[1-2]。野生葛种质资源蕴含丰富的遗传与化学变异,是品种改良与活性成分提升的重要基因库。江西省三清山属世界自然遗产地,地形复杂、生境多样,是野生葛的重要原生境与潜在遗传多样性中心[3]。然而,目前对该区域野生葛资源的系统调查与多维度评价仍较为缺乏,导致其遗传背景不明、资源保护与可持续利用缺乏科学依据。因此,开展三清山野生葛遗传多样性研究,对于资源原位保护、核心种质构建及药用性状定向育种具有重要的理论与实践意义。【前人研究进展】种质资源评价是药用植物资源学研究的基础。表型性状分析能直观反映形态适应性,是资源分类与初步筛选的常用手段[4]。随着分子生物学发展,DNA 标记已成为揭示遗传多样性、群体结构及亲缘关系的关键工具。SCoT(start codon targeted polymorphism)标记基于基因编码区起始密码子侧翼保守序列设计,具有高多态性、良好重复性、成本较低等优势,已广泛应用于茶树、枸杞、金银花等多种药用植物的遗传多样性分析与指纹图谱构建[5-6]。在葛属植物研究中,以往工作多聚焦于不同产地葛根的化学成分比较及药效评价[7-8],或利用ISSR、SSR等标记开展遗传结构初步解析[9-10]。尽管我国拥有丰富的葛种质资源,但野生群体正面临生境破碎与过度采挖的威胁,资源保护形势严峻[11]。近年来有学者指出,三清山等地可能保存着较高水平的葛遗传变异,但迄今仍缺乏系统性、多技术整合的遗传评价研究[12]。

【本研究切入点】以三清山地区 54 份野生葛种质为研究对象,首次观测了 35 个表型性状,并采用SCoT分子标记技术对该区域野生葛资源进行系统评价。通过比较表型与分子水平的遗传多样性,解析群体遗传结构,明确种质间的亲缘关系与分类群组,以充实该领域在多维度、系统性评价方面的研究基础。【拟解决的关键问题】本研究旨在阐明三清山野生葛在表型与分子水平的遗传多样性程度及变异特征,揭示其群体遗传结构及种质间亲缘关系,并筛选具有特异药用性状(如特定化学成分含量)或育种潜力的优异种质,为葛种质资源有效保护、核心种质库构建及分子标记辅助育种提供材料与理论支撑。

1　材料与方法

1.1　试验材料

供试材料为54份采集自江西省上饶市玉山县三清山周边15个乡镇及街道的野生葛种质资源(表1)。

采集时间为2023年8月至2024年11月(2个完整花期),选择长势良好、无病虫害的植株,采用五点取样法,单株间距大于30 m。样品定植于上饶以琳生态农业有限公司基地资源圃中。利用GPS记录各样点的经纬度与海拔信息,并按“YS(玉山)+乡镇首字母+序号”规则统一编号。

表1 三清山野生葛种质资源来源

Tab.1 Germplasm resources of wild kudzu in Sanqingshan

序号 Code	种质编号 Germplasm number	海拔/m Elevation	样地经度/(°) Sample longitude	样地纬度/(°) Sample latitude	地理位置 Location
1	YSBX001	110.3	118.288 592	28.662 157	冰溪街道殿口村
2	YSBX002	121.7	118.285 651	28.662 349	冰溪街道殿口村
3	YSXT002	108.2	118.135 030	28.654 655	下塘乡松岭村
4	YSXZ001	121.9	118.344 904	28.650 736	下镇镇湾刀山
5	YSWC005	108.5	118.216 206	28.661 515	文成街道十里山社区
6	YSXT001	110.8	118.134 457	28.654 280	下塘乡松岭村
7	YSBX003	136.3	118.261 622	28.671 813	冰溪街道武安山景区
8	YSWC001	134.5	118.249 812	28.652 392	文成街道六亩
9	YSYR001	113.4	118.290 024	28.732 953	岩瑞镇包溪
10	YSBM003	335.1	118.057 365	28.754 484	必姆镇坳村村
11	YSYR003	111.7	118.321 389	28.727 841	岩瑞镇王家坝村
12	YSHY002	225.8	117.997 714	28.806 714	怀玉乡白泥村
13	YSSM001	162.2	118.295 107	28.800 366	岩瑞镇下喻村
14	YSYR004	28.8	118.332 792	28.761 425	岩瑞镇古城社区
15	YSYR002	112.8	118.314 023	28.730 045	岩瑞镇包溪
16	YSWC002	124.5	118.234 433	28.666 278	文成街道六亩
17	YSWC003	139.5	118.249 790	28.652 418	文成街道六亩
18	YSXZ002	219.0	118.346 302	28.651 013	下镇镇湾刀山
19	YSZC002	208.9	117.976 254	28.760 452	樟村镇营盘村
20	YSHJ001	103.7	118.173 201	28.677 922	横街镇斧市村
21	YSBM002	339.2	118.062 667	28.733 728	必姆坳村村
22	YSSGQ004	120.7	118.298 901	28.760 080	四股桥乡竹筧村
23	YSSGQ006	113.5	118.295 220	28.760 921	四股桥乡竹筧村
24	YSSGQ008	120.9	118.173 531	28.451 416	四股桥乡竹筧村
25	YSHY001	876.2	117.982 722	28.892 777	怀玉乡玉峰村
26	YSSQ001	859.6	118.137 986	28.953 865	三清乡方塘村
27	YSBM005	272.9	118.060 177	28.743 335	必姆坳村
28	YSBX004	122.8	118.286 215	28.662 131	冰溪街道殿口村
29	YSZH001	229.5	118.131 444	28.845 662	紫湖镇仓畈村
30	YSXY001	157.5	118.410 487	28.570 254	仙岩镇毛家村
31	YSXY002	160.2	118.410 420	28.570 197	仙岩镇毛家村
32	YSLH002	147.5	119.002 464	28.702 524	临湖镇叶桥村
33	YSNS002	206.2	118.144 832	28.796 080	南山乡大葛村
34	YSZH004	380.0	118.187 422	28.926 504	紫湖镇仓畈村
35	YSZH002	202.4	118.169 053	28.884 034	紫湖镇土成村
36	YSSGQ003	128.0	118.299 527	28.760 738	四股桥乡竹筧村
37	YSSGQ005	121.3	118.298 900	28.760 083	四股桥乡竹筧村
38	YSNS001	210.2	118.143 624	28.796 508	南山乡大葛村
39	YSLH001	145.6	118.002 456	28.702 747	临湖镇叶桥村

续表 Continued

序号 Code	种质编号 Germplasm number	海拔/m Elevation	样地经度/(°) Sample longitude	样地纬度/(°) Sample latitude	地理位置 Location
40	YSZC001	213.0	117.975 692	28.760 222	樟村镇营盘村
41	YSBM001	152.6	118.128 538	28.679 576	必姆镇石笋村
42	YSSGQ007	123.8	118.294 506	28.759 721	四股桥乡竹筧村
43	YSNS003	219.9	118.145 206	28.795 852	南山乡大葛村
44	YSLD001	114.0	118.291 171	28.648 616	六都乡清水塘村
45	YSZC003	214.3	117.977 258	28.759 864	樟村镇营盘村
46	YSBM004	287.2	118.060 490	28.742 848	必姆坳村村
47	YSSGQ001	118.8	118.299 601	28.760 723	四股桥乡竹筧村
48	YSSGQ010	111.5	118.295 447	28.761 499	四股桥乡竹筧村
49	YSZH003	202.4	118.169 062	28.884 051	紫湖镇土成村
50	YSWC004	94.5	118.215 895	28.662 194	文成街道十里山社区
51	YSSGQ002	127.1	118.299 404	28.760 394	四股桥乡竹筧村
52	YSNS004	235.3	118.144 814	28.796 095	南山乡大葛村
53	YSSGQ009	126.1	118.173 932	28.451 166	四股桥乡竹筧村
54	YSYR005	29.8	118.332 793	28.761 425	岩瑞镇古城社区

1.2　表型性状观测

参考《植物品种特异性、一致性和稳定性测试指南 葛》[13],对35个表型性状进行观测记录,其中12个为数量性状,包括叶柄长度、顶生小叶长度、顶生小叶宽度、顶生小叶长宽比、侧生小叶长度、侧生小叶宽度、侧生小叶长宽比、主茎节间长度、主茎直径、花旗瓣长度、花翼瓣长度、花龙骨长度;23个为质量性状,包括叶斑、嫩梢绒毛颜色、主茎茸毛颜色、主茎茸毛密度、主茎花青苷显色强度、叶上表面茸毛姿态、叶上表面茸毛密度、叶下表面茸毛颜色、叶下表面茸毛密度、顶生小叶类型、顶生小叶形状、顶生小叶缺刻程度、顶生小叶先端形状、托叶形状、小托叶形状、小托叶相对于侧生小叶叶柄的长度、旗瓣颜色、主茎皮孔、托叶脱落、侧生小叶类型、侧生小叶形状、荚果茸毛、荚果茸毛黄色程度。

使用Excel 2019计算数量性状的最大值、最小值、平均值、标准差、变异系数(CV)、Simpson指数(D)和Shannon-Wiener指数(H')。利用Past 4.03软件计算质量性状的D和H'指数。采用SPSS 22.0软件对32个有效表型性状(剔除无变异性状)进行相关性分析(Pearson法)和主成分分析(PCA),依据特征值大于1的原则提取主成分。基于PCA筛选出的13个关键性状,采用组间连接法和欧氏距离平方进行系统聚类分析,并用Origin 2022绘制热图。

1.3　SCoT分子标记分析

采集幼嫩叶片,液氮速冻后于-80 ℃保存。采用改良CTAB法提取基因组DNA,经10 g/L琼脂糖凝胶电泳和紫外分光光度计检测浓度与纯度,合格样品稀释至50 ng/μL备用。

SCoT引物序列参照Collard等[14]及Luo等[15]的研究,由杭州有康生物科技有限公司合成。首先选取7份表型差异较大的材料(YSWC003、YSNS003等)进行引物筛选。PCR反应体系(25 μL):1 μL DNA模板,2 μL引物(10 μmol/L),12.5 μL 2× Es *Taq* MasterMix,9.5 μL ddH_2O。反应程序:94 ℃预变性2 min;94 ℃变性30 s,55 ℃退火30 s,72 ℃延伸30 s,35个循环;72 ℃终延伸2 min。对部分扩增不佳的样品,改用2×Phanta Flash Master Mix并优化程序进行复验。PCR产物经10 g/L琼脂糖凝胶电泳检测,GelRed染色后于凝胶成像系统观察拍照。

从80条引物中筛选出条带清晰、多态性丰富的15条引物(表2),用于全部54份材料的扩增。将清晰可重复的条带记为“1”,同一位置无条带记为“0”,建立0/1矩阵。利用POPGENE 1.32软件计算等位基因数(Na)、有效等位基因数(Ne)、Nei's基因多样性指数(H)和Shannon's信息指数(I)。基于遗传相似系数矩阵,采用NTSYS-pc 2.10e软件中的非加权组平均法(UPGMA)进行聚类分析。

表 2 SCoT 引物信息

Tab.2 Information of SCoT primers

编号 Code	引物 Primer	序列 5′-3′ Sequences 5′-3′	退火温度/℃ Annealing temperature
1	SCoT3	CAACAATGGCTACCACCG	54.9
2	SCoT12	ACGACATGGCGACCAACG	57.2
3	SCoT21	ACGACATGGCGACCCACA	57.2
4	SCoT28	CCATGGCTACCACCGCCA	59.5
5	SCoT31	CCATGGCTACCACCGCCT	59.5
6	SCoT43	CAATGGCTACCACTACAG	57.2
7	SCoT47	ACAATGGCTACCACTGCC	54.9
8	SCoT52	ACAATGGCTACCACTGCA	52.6
9	SCoT54	ACAATGGCTACCACCAGC	54.9
10	SCoT60	ACAATGGCTACCACCACA	52.6
11	SCoT61	CAACAATGGCTACCACCG	54.9
12	SCoT63	ACCATGGCTACCACGGGC	59.5
13	SCoT71	CCATGGCTACCACCGCCG	61.7
14	SCoT72	CCATGGCTACCACCGCCC	61.7
15	SCoT77	CCATGGCTACCACTACCC	57.2

2 结果与分析

2.1 表型性状遗传多样性分析

2.1.1 数量性状与质量性状多样性

对 54 份种质的 12 个数量性状进行分析(表 3),变异系数(CV)范围为 10.80%~45.88%。主茎直径的

表 3 12 个数量性状遗传多样性分析

Tab.3 Genetic diversity analysis of 12 quantitative traits

性状 Trait	最大值 Max	最小值 Min	平均值 Average	标准差 SD	变异系数/% CV	均值±标准差 Mean±SD	*D*	*H′*
叶柄长度/cm Petiole length	26.30	7.90	15.65	4.58	29.26	15.65±4.58	0.80	1.61
顶生小叶长度/cm Terminal leaflet length	26.50	6.80	15.47	3.90	25.22	15.47±3.90	0.68	1.24
顶生小叶宽度/cm Terminal leaflet width	24.70	6.00	14.34	3.90	27.21	14.34±3.90	0.72	1.38
顶生小叶长宽比 Length/width ratio of terminal leaflet	2.07	0.84	1.10	0.18	16.13	1.10±0.18	0.70	1.33
侧生小叶长度/cm Lateral leaflet length	25.70	6.50	15.17	3.94	25.99	15.17±3.94	0.74	1.44
侧生小叶宽度/cm Lateral leaflet width	21.20	5.50	12.26	3.14	25.60	12.26±3.14	0.74	1.44
侧生小叶长宽比 Length/width ratio of lateral leaflet	1.49	0.94	1.24	0.13	10.80	1.24±0.13	0.74	1.46
主茎节间长度/cm Main stem internode length	37.80	10.15	23.47	5.61	23.89	23.47±5.61	0.67	1.27
主茎直径/cm Main stem diameter	3.50	0.45	0.94	0.43	45.88	0.94±0.43	0.66	1.24
花旗瓣长度/mm Standard petal length	24.00	12.00	17.66	3.01	17.06	17.66±3.01	0.58	0.96
花翼瓣长度/mm Wing petal length	20.00	13.00	17.40	2.18	12.53	17.40±2.18	0.67	1.10
花龙骨长度/mm Keel petal length	22.00	11.00	18.72	3.63	19.40	18.72±3.63	0.67	1.10

变异系数最大(45.88%),表明该性状在不同种质间分化显著;顶生小叶长宽比的变异系数最小(10.80%),该性状最为稳定。Simpson指数(D)和Shannon-Wiener指数(H')的变化趋势一致,其中叶柄长度的多样性最高(D=0.80,H'=1.61),而花旗瓣长度的多样性最低(D=0.58,H'=0.96)。

23个质量性状共观测到73个变异类型(表4)。顶生小叶缺刻程度的遗传多样性最为丰富(D=0.79,H'=1.74),其次为主茎花青苷显色强度(D=0.78,H'=1.65)和叶下表面茸毛密度(D=0.77,H'=1.52)。嫩梢绒毛颜色(D=0.32)和主茎皮孔(H'=0.54)的多样性较低。分布频率分析显示,顶生小叶以圆形三裂为主(51.85%),侧生小叶以椭圆形三裂为主(77.78%)。在19份开花种质中,旗瓣颜色以紫红色为主(57.14%),并鉴定出3份白花种质(YSYR004、YSZH001、YSBM004)和1份粉红花种质(YSBX004),其中YSYR004为罕见的白花特异类型。

表4　23个质量性状遗传多样性分析

Tab.4　Genetic diversity analysis of 23 qualitative traits

性状 Trait	D	H'	性状描述级别 Description	品种个数 Number
叶斑 Leaf spot	0.50	0.70	无	30
			有	24
嫩梢绒毛颜色 Young shoot trichome color	0.32	0.63	白色	5
			黄褐色	44
			棕色	5
主茎茸毛颜色 Main stem trichome color	0.40	0.74	白色	7
			褐色	41
			灰色	6
主茎茸毛密度 Main stem trichome density	0.76	1.41	无或极疏	12
			疏	15
			中	14
			密	13
主茎花青苷显色强度 Main stem anthocyanin intensity	0.78	1.65	无或极弱	17
			极弱到弱	17
			弱	8
			弱到中	1
			中	6
			中到强	4
			强	1
叶上表面茸毛姿态 Adaxial trichome attitude	0.39	0.67	直立	2
			半直立	11
			水平	41
叶上表面茸毛密度 Adaxial trichome density	0.75	1.48	无或极疏	4
			疏	17
			中	19
			密	9
			极密	5
叶下表面茸毛颜色 Abaxial trichome color	0.40	0.74	灰白色	41
			绿色	6
			灰绿色	7

续表 Continued

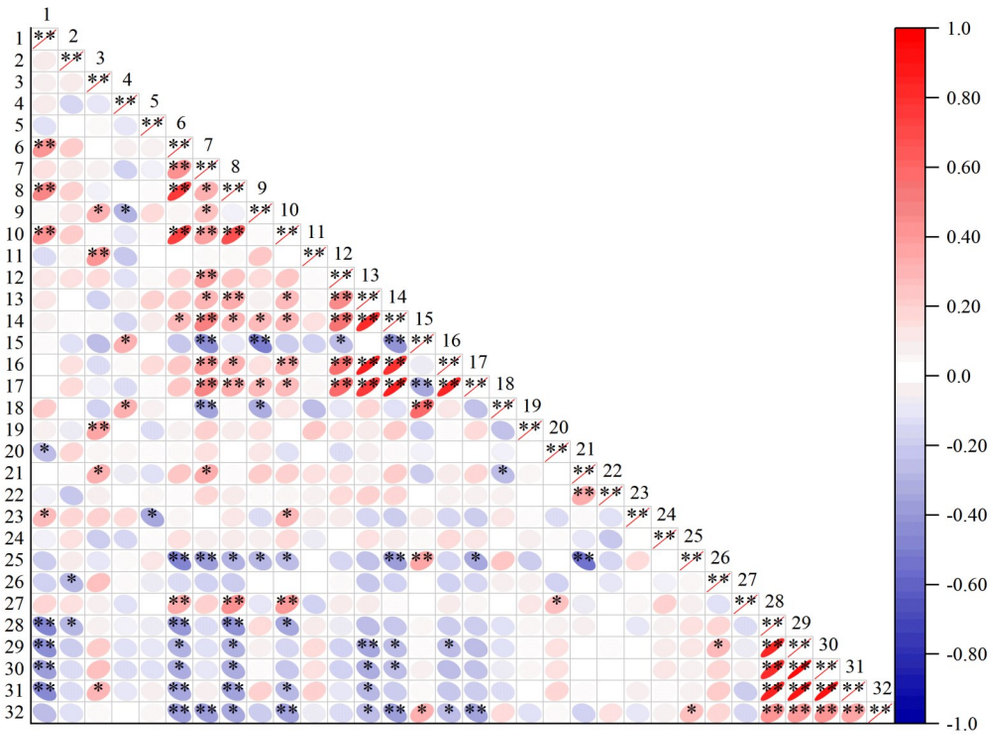
性状 Trait	*D*	*H′*	性状描述级别 Description	品种个数 Number
叶下表面茸毛密度 Abaxial trichome density	0.77	1.52	无或极疏	3
			疏	7
			中	16
			密	13
			极密	15
顶生小叶类型 Terminal leaflet type	0.54	0.87	全缘	20
			二裂	3
			三裂	31
顶生小叶形状 Terminal leaflet shape	0.62	1.12	卵圆形	4
			椭圆形	4
			圆形	28
			倒卵圆形	18
顶生小叶缺刻程度 Terminal leaflet incision degree	0.79	1.74	无或极浅	20
			极浅到深	9
			浅	5
			浅到中	2
侧生小叶类型 Lateral leaflet type	0.64	1.07	全缘	16
			二裂	12
			三裂	26
侧生小叶形状 Lateral leaflet shape	0.38	0.74	卵圆形	3
			椭圆形	42
			圆形	8
			倒卵圆形	1
荚果茸毛黄色程度 Pod trichome yellowness	0.69	1.13	浅	2
			中	5
			深	4
旗瓣颜色 Standard petal color	0.62	1.16	白色	3
			粉红色	1
			紫红色	12
			紫色	5

2.1.2 表型性状相关性、主成分及聚类分析

相关性分析(图1)显示,32个表型性状间存在114对显著或极显著相关关系。其中,花部性状(旗瓣颜色、长度等)之间呈高度正相关(相关系数>0.90);叶片大小性状(如顶生小叶长与宽)之间及其与叶柄长度之间亦呈极显著正相关。

主成分分析提取了特征值>1的10个主成分(表5),累计贡献率达76.728%,能较好代表原始性状信息。其中,PC1(贡献率21.931%)主要代表花部发育特征(旗瓣颜色、长度等载荷较高);PC2(13.128%)主要代表叶片大小(顶生、侧生小叶的长度与宽度载荷较高);PC3(8.460%)主要代表叶片分裂特征(顶生小叶类型、缺刻程度等)。

基于主成分分析筛选出的13个关键性状,进行聚类分析(图2)。在欧氏距离30处,54份种质可分为5大类群:类群I(15份)主要为开深色花(紫、紫红)材料;类群II(3份)为顶生小叶三深裂的开花粉葛;类群III(15份)包含不开花及白花材料,其中亚类ⅲ包含全部3份白花种质(YSYR004、YSZH001、YSBM004);类群Ⅳ(20份)均为不开花且顶生小叶多三深裂的粉葛;类群Ⅴ(1份,YSWC003)为主茎花青苷显色极强的特异不开花种质。



椭圆形状与颜色共同表示相关性(红色为正相关,蓝色为负相关),颜色越深、椭圆越扁,相关性越强;*和**分别表示在P<0.05和P<0.01水平上差异显著。1:叶斑;2:叶上表面茸毛姿态;3:叶上表面茸毛密度;4:叶下表面茸毛颜色;5:叶下表面茸毛密度;6:顶生小叶类型;7:顶生小叶形状;8:顶生小叶缺刻程度;9:顶生小叶先端形状;10:侧生小叶类型;11:侧生小叶形状;12:叶柄长度;13:顶生小叶长度;14:顶生小叶宽度;15:顶生小叶长宽比;16:侧生小叶长度;17:侧生小叶宽度;18:侧生小叶长宽比;19:嫩梢绒毛颜色;20:主茎茸毛颜色;21:主茎茸毛密度;22:主茎花青苷显色强度;23:主茎节间长度;24:主茎直径;25:主茎皮孔有无;26:托叶形状;27:小托叶相对于侧生小叶叶柄长度;28:旗瓣颜色;29:旗瓣长度;30:翼瓣长度;31:龙骨瓣长度;32:荚果茸毛黄色程度。

The shape and color of ellipses jointly represent the correlation coefficient.Red indicates positive correlation, while blue indicates negative correlation.* indicates a significant difference at the P<0.05 level; ** indicates that the difference is very significant at the P<0.01 level.1: Leaf spots; 2: Leaf upper surface fuzz posture; 3: Leaf upper surface hair density; 4: Lower leaf surface fuzz color; 5: The density of hairs on the lower leaf surface; 6: Terminal lobule type; 7: Terminal lobule shape; 8: Apical lobular notch degree; 9: Apex shape of terminal lobule; 10: Lateral lobule type; 11: Lateral lobular shape; 12: Petiole length; 13: Terminal lobular length; 14: Terminal lobular width; 15: Terminal lobular length-to-width ratio; 16: Lateral lobular length; 17: Lateral lobular width; 18: Lateral lobular length-to-width ratio; 19: Tender hair color; 20: Main stem hair color; 21: Main stem hair density; 22: Main stem anthocyanin color intensity; 23: Length between main stem nodes; 24: Main stem diameter; 25: The main stem skin hole is available; 26: Stipule shape; 27: Petiole length of petiole relative to lateral lobule; 28: Flag color; 29: Length of flag flap; 30: Flap length; 31: Length of keel flap; 32: Pod dusky yellow degree.

图 1　表型性状相关性分析

Fig.1　Heat map of phenotypic trait correlations

2.2　SCoT 分子标记遗传多样性分析

2.2.1　引物多态性及遗传参数

从80条SCoT引物中筛选出15条有效引物,共扩增出258条清晰条带,全部具有多态性,多态性比率为100.00%。单条引物扩增条带数为11~25条,平均17.2条。引物SC60扩增条带最多(25条),SC3和SC28最少(11条)。进一步利用筛选得到的15条SCoT引物对54份野葛种质资源开展PCR扩增,结果显示44份野葛种质资源可在初始反应体系及2×Es *Taq* MasterMix条件下扩增出条带清晰、多态性丰富的电泳图谱,以引物SC54的扩增结果(图3)为例。遗传多样性参数分析(表6)表明,15条引物的平均等位基因数(Na)为1.996 3,接近理论最大值2。平均有效等位基因数(Ne)为1.333 3,平均Nei's基因多样性指数(H)为0.225 5,平均Shannon's信息指数(I)为0.361 6。其中,引物SC63的多样性最高(H=0.300 3,I=0.461 4)。

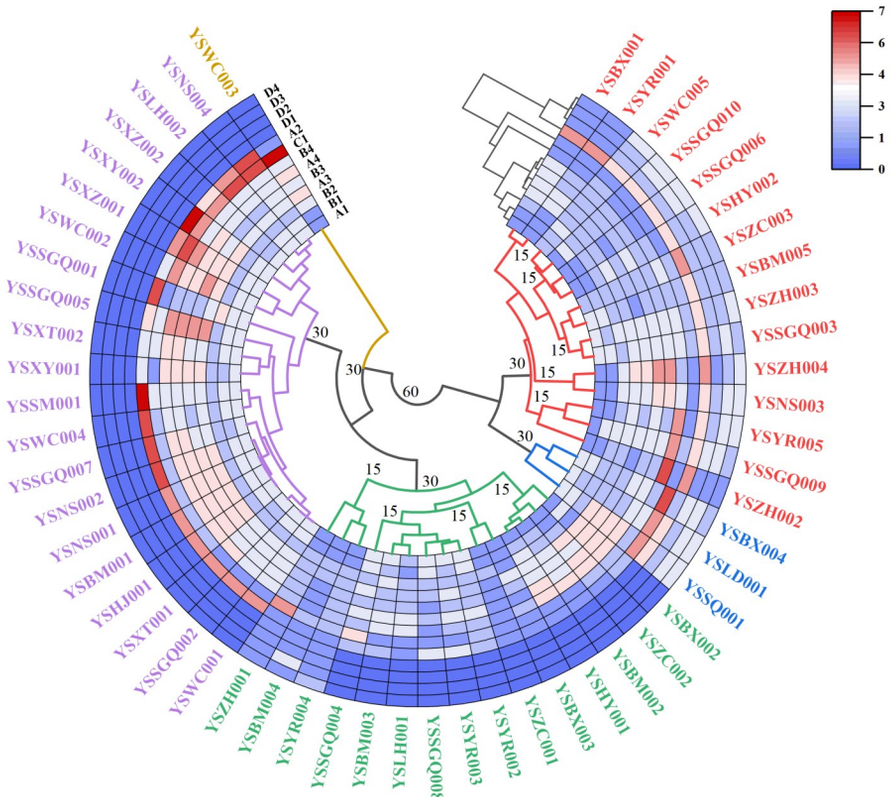
表5 主成分特征值及贡献率

Tab.5 Principal components eigenvalue and contribution rates

成分编号 Component number	特征值 Eigenvalues	方差贡献率/% Variance contribution rate	累积贡献率/% Cumulative contribution
1	7.018	21.931	21.931
2	4.201	13.128	35.059
3	2.707	8.460	43.519
4	2.184	6.827	50.346
5	1.899	5.936	56.281
6	1.633	5.103	61.385
7	1.356	4.236	65.621
8	1.343	4.197	69.818
9	1.164	3.639	73.457
10	1.047	3.271	76.728
11	0.933	2.915	79.643
12	0.859	2.685	82.329
13	0.792	2.476	84.804
14	0.640	1.999	86.804
15	0.585	1.829	88.633
16	0.559	1.747	90.380
17	0.463	1.446	91.826
18	0.408	1.276	93.101
19	0.380	1.189	94.290
20	0.342	1.070	95.360
21	0.295	0.923	96.283
22	0.264	0.826	97.110
23	0.216	0.674	97.784
24	0.206	0.643	98.426
25	0.131	0.410	98.836
26	0.104	0.326	99.162
27	0.074	0.231	99.393
28	0.068	0.212	99.605
29	0.047	0.147	99.752
30	0.039	0.123	99.875
31	0.022	0.067	99.942
32	0.018	0.058	100

2.2.2 遗传相似性与聚类分析

基于SCoT标记计算54份种质间的遗传相似系数，范围为0~0.692 3，平均值为0.3124，表明供试群体在DNA水平上存在较大遗传差异。其中，YSSGQ006与YSSGQ008的相似系数最高（0.692 3），亲缘关系最近；YSXT001与其他多数种质的相似系数均低于0.10，遗传背景独特。UPGMA聚类分析结果如图4所示。在遗传相似系数0.21处，可将54份种质划分为7个主要类群。类群I包含36份材料，可进一步分为3个亚类；类群II包含5份材料；类群III、VI、VII均仅含1份材料，分别为YSLD001、YSXT001和YSSGQ005，表明它们遗传背景独特；类群IV包含7份材料，其中白花种质YSYR004与不开花种质YSSM001首先聚在一起（相似系数0.59）；类群V包含3份不开花的深裂叶粉葛（YSNS002等），其在表型聚类中也聚在一起。值得注意的是，表型聚类中同属类群III的3份白花种质（YSYR004、YSZH001、YSBM004），在SCoT聚类中被分别划分到类群IV（YSYR004）和类群I（YSZH001、YSBM004），提示其表型（花色）虽相似，但遗传背景存在差异。

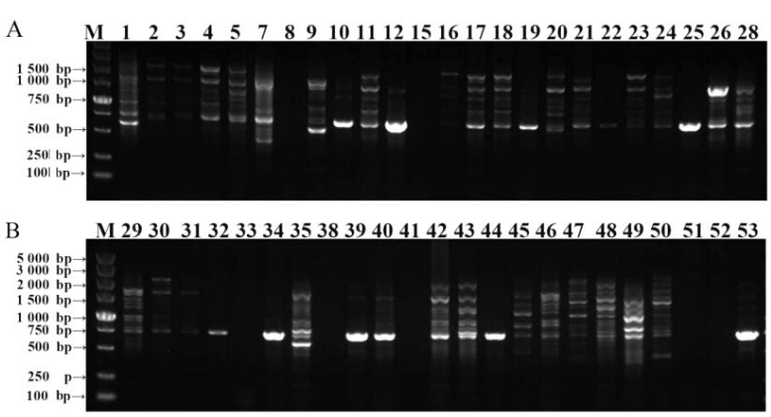


聚类热图右上角为顶生小叶类型(A1)、顶生小叶缺刻程度(A2)、顶生小叶长度(A3)、顶生小叶宽度(A4)、侧生小叶类型(B1)、侧生小叶形状(B2)、侧生小叶长度(B3)、侧生小叶宽度(B4)、主茎花青苷强度(C1)、旗瓣颜色(D1)、旗瓣长度(D2)、翼瓣长度(D3)、龙骨瓣长度(D4)等13个主要性状的赋值结果;聚类分支用不同颜色表示不同的类别,红色代表第I类,蓝色代表第II类,绿色代表第III类,紫色代表第IV类,黄色代表第V类。聚类分支上的数值(60、30、15)表示欧氏平方距离。

In the upper right corner of the cluster heat map, the terminal leaflet type (A1), the degree of terminal leaflet defect (A2), terminal leaflet length (A3), terminal leaflet width (A4), lateral leaflet type (B1), lateral leaflet shape (B2), lateral leaflet length (B3), lateral leaflet width (B4), anthocyanin intensity of main stem (C1), flag lobe color (D1), flag The values of 13 main characters, such as flap length (D2), wing length (D3) and keel length (D4); The clustering branches are represented by different colors, with red representing Class I, blue representing Class II, green representing Class III, purple representing Class IV, and yellow representing Class V. The values (60, 30, 15) on the clustering branches represent Euclidean square distances.

图2　野生葛种质资源聚类分析

Fig.2　Clustering heat map of wild kudzu germplasm resources



M:DL5000 DNA Marker;A:1~5号、7~12号、15~26号、28号野生葛材料(表 1)扩增结果;B:29~35号、38~53号野生葛材料(表1)扩增结果。

M: DL5000 DNA Marker; A: Amplification results of wild kudzu materials No.1–5, No.7–12, No.15–26 and No.28 (Tab.1); B: Amplification results of wild kudzu materials No.29–35 and No.38–53 (Tab.1).

图3　SC54引物对44份野生葛材料的SCoT-PCR扩增结果

Fig.3　SCoT-PCR amplification of 44 wild kudzu materials by SC54 primer

表6 54份野生葛种质资源在15对SCoT引物中的遗传多样性

Tab.6 Genetic diversity of 54 wild kudzu germplasm resources based on 15 SCoT primers

引物名称 Primer name	等位基因 *Na*	有效等位基因 *Ne*	Nei's 基因多样性指数 *H*	Shannon's信息指数 *I*
SCoT3	2.000 0	1.379 6	0.262 7	0.423 4
SCoT28	2.000 0	1.427 5	0.266 5	0.419 3
SCoT31	2.000 0	1.359 8	0.233 1	0.376 6
SCoT61	2.000 0	1.369 4	0.241 0	0.388 1
SCoT12	2.000 0	1.288 8	0.203 2	0.342 5
SCoT21	1.944 4	1.308 9	0.206 3	0.339 8
SCoT43	2.000 0	1.200 7	0.144 9	0.255 3
SCoT47	2.000 0	1.316 3	0.212 4	0.351 7
SCoT52	2.000 0	1.202 7	0.152 4	0.269 7
SCoT54	2.000 0	1.348 2	0.242 2	0.398 6
SCoT60	2.000 0	1.353 6	0.229 4	0.368 6
SCoT63	2.000 0	1.488 8	0.300 3	0.461 4
SCoT71	2.000 0	1.411 6	0.254 3	0.400 9
SCoT72	2.000 0	1.338 5	0.282 7	0.359 3
SCoT77	2.000 0	1.204 5	0.150 7	0.268 2
平均 Mean	1.996 3	1.333 3	0.225 5	0.361 6

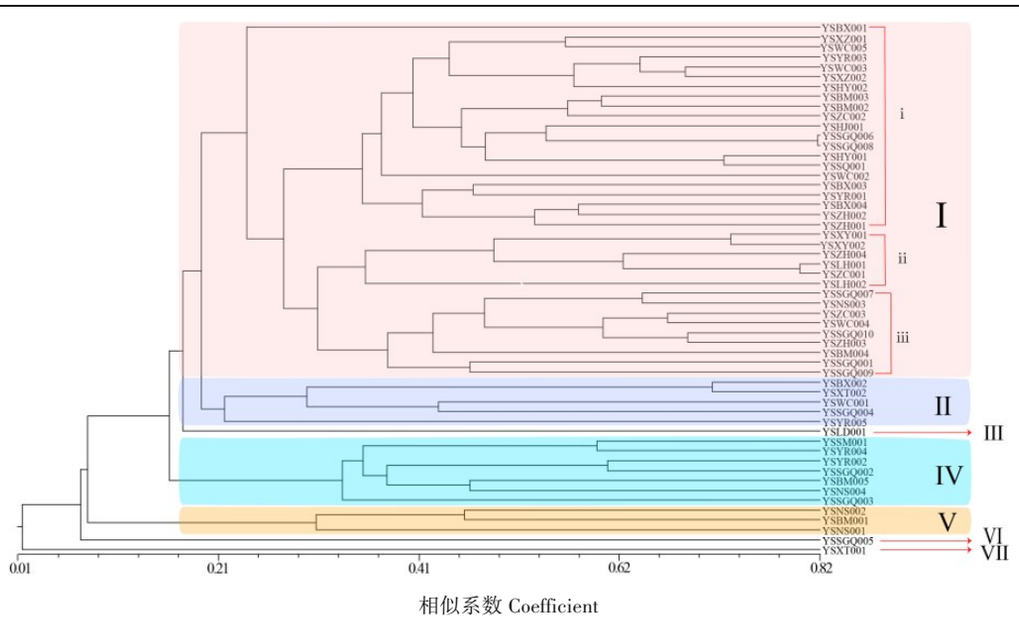


图4 SCoT分子标记聚类分析

Fig.4 Cluster diagram based on SCoT molecular markers

3 讨论与结论

本研究通过对54份三清山野生葛种质的表型性状与SCoT分子标记进行综合分析，发现该区域野生葛资源具有较高的遗传多样性。表型性状中，数量性状如主茎直径、质量性状如顶生小叶缺刻程度表现出较大的变异潜力，可作为后续品种选育与鉴定的关键指标。分子标记分析显示，SCoT标记的多态性比率达100%，平均Nei's基因多样性指数（*H*=0.225 5）和Shannon's指数（*I*=0.361 6）均处于中等水平，与尚小红等[16]对广西葛资源的研究结果（*H*=0.208 5）相近，但高于部分基于RAPD、ISSR标记的研究[7,17]，这表明SCoT标记在葛属植物遗传分析中具有更高的检测效率，同时也揭示了三清山野生葛蕴藏丰富的遗传变异，具备重要的资源挖掘潜力。

表型聚类与分子聚类结果总体趋势一致，但存在一定差异。表型聚类将种质分为5类，而SCoT聚类

将其分为7类,这种差异主要源于表型性状易受环境与发育阶段的影响,而分子标记直接反映DNA水平的变异,稳定性更强[18]。此外,SCoT标记针对基因编码区,可能揭示了与功能基因相关的更精细遗传结构。例如,白花种质YSYR004在表型上与YSZH001、YSBM004聚为白花亚类,但在SCoT聚类中仅与不开花种质YSSM001亲缘最近,该结果表明白花性状可能在遗传上相对独立,YSYR004可能由特定的等位基因组合控制,其独特的花色表型与遗传背景相关联,为花色形成机制的解析提供了珍贵材料。

另外,本研究鉴定出多个具有重要价值的特异种质资源。YSYR004作为稀有的白花种质,不仅具备观赏价值,还可能有特殊的次生代谢途径,是花色育种与功能成分研究的理想材料。YSSGQ009和YSSQ001在花部、叶片性状及主成分综合得分中表现均衡优异,可作为综合性状优良的潜在骨干亲本。YSWC003在主茎花青苷显色方面表现极强,而花青苷作为抗氧化剂,常与植物抗逆性相关[19],该种质可能具备更强的抗生物胁迫或非生物胁迫潜力,值得进一步研究评价。此外,在表型与分子聚类中均单独成类的YSXT001、YSLD001、YSSGQ005等种质,遗传背景独特,为拓宽栽培葛遗传基础提供了宝贵资源。

本研究综合运用表型性状与SCoT分子标记,系统评估了三清山地区54份野生葛种质资源的遗传多样性。结果表明,该地区野生葛在表型和DNA水平上均存在丰富的遗传变异。研究筛选出包括白花特异种质YSYR004、综合性状优良种质YSSGQ009和YSSQ001、高花青苷含量种质YSWC003以及多个遗传背景独特的种质在内的核心种质资源。这些种质为三清山野生葛资源的科学保护、核心种质库的构建以及未来针对特定性状(如花色、抗性、高产)的分子标记辅助育种工作提供了重要的材料基础和理论依据。后续研究可进一步扩大采样规模,并结合SSR、SNP等多种标记及功能基因挖掘,深入解析重要性状的遗传机制。

参考文献 References:

[1] 黄秋连,谢璐欣,杨碧穗,等.粉葛农艺性状与品质的相关性研究[J].中药材,2021,44(7):1563-1568.
Huang Q L,Xie L X,Yang B S,et al.Correlation between agronomic traits and quality of *Pueraria lobata* var.*thomsonii*[J].Journal of Chinese Medicinal Materials,2021,44(7):1563-1568.

[2] 林小兵,周利军,吴多基,等.镉胁迫对粉葛幼苗生长、生理特性及镉富集的影响[J].江西农业大学学报,2024,46(4):884-893.
Lin X B,Zhou L J,Wu D J,et al.Effect of cadmium stress on growth,physiological characteristics and cadmium enrichment of *Pueraria thomsonii* Benth seedlings[J].Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis,2024,46(4):884-893.

[3] 范淑英,吴才君.江西野葛种质资源的收集和研究[J].江西农业大学学报,2003,25(1):27-29.
Fan S Y,Wu C J.Collection and study of wild pueraria germplasm resources in Jiangxi Province[J].Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis,2003,25(1):27-29.

[4] 冯夏莲,何承忠,张志毅,等.植物遗传多样性研究方法概述[J].西南林学院学报,2006,26(1):69-74.
Feng X L,He C Z,Zhang Z Y,et al.Summarization on research methods of plant genetic diversity[J].Journal of Southwest Forestry College,2006,26(1):69-74.

[5] 韩国辉,向素琼,汪卫星,等.柑橘SCoT分子标记技术体系的建立及其在遗传分析中的应用[J].园艺学报,2011,38(7):1243-1250.
Han G H,Xiang S Q,Wang W X,et al.Establishment and application of SCoT molecular marker system for citrus[J].Acta Horticulturae Sinica,2011,38(7):1243-1250.

[6] 尚小红,严华兵,曹升,等.广西地方葛根种质资源遗传多样性的SCoT分析[J].核农学报,2019,33(7):1311-1317.
Shang X H,Yan H B,Cao S,et al.Genetic diversity analysis of pueraria in Guangxi based on SCoT markers[J].Journal of Nuclear Agricultural Sciences,2019,33(7):1311-1317.

[7] 景戌,徐莉,陈俊意,等.重庆地区葛根遗传多样性分析和葛根素含量聚类分析[J].中国农学通报,2010,26(24):80-82.
Jing X,Xu L,Chen J Y,et al.Genetic diversity of arrowroot(*Pueraria* L.)varieties revealed by RAPD analysis in Chongqing area[J].Chinese Agricultural Science Bulletin,2010,26(24):80-82.

[8] Zhang X T,Zhang N,Wu W T,et al.Botanical characteristics,chemical constituents of *Pueraria lobata*,and its research progress in the treatment of metabolic diseases[J].Acupuncture and Herbal Medicine,2026,6(1):119-138.

[9] 陈元生,彭建宗.葛属植物ISSR-PCR扩增条件的正交优化[J].广东农业科学,2010,37(1):120-123.

Chen Y S, Peng J Z. Orthogonal optimization of ISSR-PCR reaction system in pueraria[J]. Guangdong Agricultural Sciences, 2010, 37(1): 120-123.

[10] 周荣荣,周骏辉,南铁贵,等. 葛根SSR特征及江西粉葛DNA身份证的构建[J]. 中国中药杂志,2019,44(17):3615-3621.
Zhou R R, Zhou J H, Nan T G, et al. Analysis of genomic SSRs in *Pueraria lobata* and *P. thomsonii* and establishment of DNA identity card for different germplasms of *P. thomsonii* of Jiangxi Province[J]. China Journal of Chinese Materia Medica, 2019, 44(17): 3615-3621.

[11] 袁灿,钟文娟,龚一耘,等. 葛根资源遗传多样性和性状关联分析[J]. 植物遗传资源学报,2017,18(2):233-241.
Yuan C, Zhong W J, Gong Y Y, et al. Genetic diversity and trait association analysis of *Pueraria lobata* resources[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2017, 18(2): 233-241.

[12] 臧敏,邱筱兰,姚丽芳,等. 江西三清山野生药用植物资源分析[J]. 江苏农业科学,2015,43(2):358-361.
Zang M, Qiu X L, Yao L F, et al. Analysis on wild medicinal plant resources in Sanqing Mountain of Jiangxi[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2015, 43(2): 358-361.

[14] Collard B C Y, Mackill D J. Start codon targeted (SCoT) polymorphism: a simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants[J]. Plant Molecular Biology Reporter, 2009, 27(1): 86-93.

[15] Luo C, He X H, Chen H, et al. Analysis of diversity and relationships among mango cultivars using Start Codon Targeted (SCoT) markers[J]. Biochemical Systematics and Ecology, 2010, 38(6): 1176-1184.

[13] NY/T 4501—2025. 植物品种特异性、一致性和稳定性测试指南 葛[S].
NY/T 4501—2025. Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability—pueraria[S].

[16] 尚小红,曹升,肖亮,等. 广西葛种质资源调查与收集[J]. 植物遗传资源学报,2020,21(5):1301-1307.
Shang X H, Cao S, Xiao L, et al. Investigation and collection of pueraria germplasm resources in Guangxi[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2020, 21(5): 1301-1307.

[17] 周精华,揭雨成,杜晓华,等. 葛种质资源亲缘关系的RAPD分析[J]. 作物研究,2013,27(4):347-350.
Zhou J H, Jie Y C, Du X H, et al. RAPD analysis of arrowroot (*Pueraria* L.) germplasm genetic relationships[J]. Crop Research, 2013, 27(4): 347-350.

[18] Agarwal M, Shrivastava N, Padh H. Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences[J]. Plant Cell Reports, 2008, 27(4): 617-631.

[19] Wang S S, Zhang S M, Wang S P, et al. A comprehensive review on *Pueraria*: insights on its chemistry and medicinal value[J]. Biomedicine & Pharmacotherapy, 2020, 131: 110734.

(责任编辑:张前锋)



第一作者简介:姚越铿,江西九江人,现为江西农业大学农学院农艺与种业专业2023级硕士生,主要从事粉葛高产栽培模式与生长发育研究。2023、2024年研究生期间分别获校级一等奖学金、二等奖学金。



通信作者简介:肖旭峰,教授,博士。担任了全国热带作物品种审定委员会专家、江西省现代农业产业技术体系岗位专家、江西省园艺学会蔬菜专业委员会副主任、省菌物学会理事等。从事蔬菜响应重金属胁迫的分子机制、重要农艺性状表观遗传调控及种质创新、优质高产高效调控技术研究。主持国家自然科学基金、江西省自然科学基金重点项目及面上项目等,在国内外期刊发表论文60余篇,获国家发明专利2项,获江西省高校科技成果二等奖1项,制定省级、团体标准6项,参编专著4部。