

斑茅种质资源的表型性状及遗传多样性

徐超华^{1,2}, 陆鑫^{1,2}, 马丽^{1,2}, 刘新龙^{1,2}, 刘洪博^{1,2}, 苏火生^{1,2}, 林秀琴^{1,2}, 蔡青^{1,2,3*}

(1. 云南省农业科学院甘蔗研究所, 云南 开远 661699; 2. 云南省甘蔗遗传改良重点实验室, 云南 开远 661699; 3. 云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所, 云南 昆明 650223)

摘要: 为有效评价和利用斑茅种质资源, 挖掘其优良性状, 以 162 份斑茅种质资源(云南 74 份, 福建 15 份, 贵州 19 份, 海南 18 份, 四川 14 份, 江西 10 份, 广东 4 份, 广西 4 份, 浙江 4 份)为研究材料, 对其表型性状及遗传多样性进行研究。表型性状分析结果表明: ①斑茅种质资源质量性状的 Shannon-Wiener 多样性指数整体偏低, 其中, 福建斑茅的(0.762 4)最高, 广西斑茅的(0.294 2)最低; ②数量性状的遗传变异较丰富, 其中, 云南地区的变异系数(32.15%)最大, 广西地区的(14.95%)最小; ③海拔高度与锤度呈极显著负相关, 纬度与株高呈极显著负相关。遗传分化系数和基因流结果显示, 斑茅种质资源群体的遗传变异主要来自于采集地内部, 群体之间存在较大的基因交流, 遗传结构分化不明显。UPGMA 聚类分析结果表明, 各居群间的遗传距离与采集地之间有一定的相关性。

关键词: 斑茅; 表型性状; 遗传多样性

中图分类号: S566.1

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2014)02-0117-05

Phenotypic traits and genetic diversity of *Erianthus arundinaceum* germplasm

XU Chao-hua^{1,2}, LU Xin^{1,2}, MA Li^{1,2}, LIU Xin-long^{1,2}, LIU Hong-bo^{1,2}, SU Huo-sheng^{1,2}, LIN Xiu-qin^{1,2}, CAI Qing^{1,2,3*}

(1. Sugarcane Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kaiyuan, Yunnan 661699, China; 2. Yunnan Key Laboratory of Sugarcane Genetic Improvement, Kaiyuan, Yunnan 661699, China; 3. Biotechnology & Genetic Resources Institute, Yunnan Academy of Agriculture Sciences, Kunming 650223, China)

Abstract: In order to utilize and effectively evaluate the *Erianthus arundinaceum* as well as to develop its elite traits, phenotypic traits and genetic diversity were evaluated based on 5 qualitative traits and 10 quantitative traits from 162 tested samples of *Erianthus arundinaceum* collected from 9 provinces in China (they were 74 in Yunnan, 15 in Fujian, 19 in Guizhou, 18 in Hainan, 14 in Sichuan, 10 in Jiangxi, 4 in Guangdong, 4 in Guangxi, 4 in Zhejiang, respectively). The results showed that: ① Shannon-Wiener genetic diversity indices which represented qualitative traits were generally in low as a whole. The accessions from Fujian province exhibited the highest genetic diversity index which was 0.762 4, while those from Guangxi province showed the lowest which was 0.294 2; ② Genetic variances which represented quantitative traits were higher, the mean variation coefficients ranged from 14.95% to 32.15% at the lowest in Guangxi and the highest in Yunnan; ③ Brix exhibited negative correlation with elevation and stalk length showed negative correlation with latitude. In addition, results from the analysis of genetic divergence coefficients indicated that a high proportion of total genetic variation was retained within the groups of different sampling regions, and the higher gene flow showed that there were active genetic exchanges among different sampling regions, that is to say there were little significant genetic divergence among these populations. According to genetic distance and UPGMA, there was a certain

收稿日期: 2014-01-23

基金项目: 农业部作物种质资源保护项目(NB2013-2130135-30); 云南省应用基础研究计划重点项目(2006C0013Z); 国家甘蔗种质资源平台项目(2012-044); 甘蔗抗旱育种技术研究与种质改良项目(2012HA001)

作者简介: 徐超华(1986—), 男, 湖北洪湖人, 硕士, 研究实习员, 主要从事甘蔗种质资源利用研究, xuchaohua_0435@sina.com;

*通信作者, caiqingsri@163.com

correlation between genetic distance and different sampling regions of *Erianthus arundinaceum*.

Key words: *Erianthus arundinaceum*; phenotypic traits; genetic diversity

甘蔗是中国主要的糖料作物。蔗糖产量占全国食糖总产的90%以上^[1]。目前,全世界甘蔗品种主要来源于热带种(*Saccharum officinarum*)、割手密(*S. spontaneum*)、印度种(*S. barberi*)的种间杂交后代。因为祖先相同,血缘相近^[2],所以,育成品种在蔗区的推广难度大,育种效率不高。甘蔗近缘属植物斑茅(*Erianthus arundinaceum*)主要分布于中国云南、四川、贵州、福建、海南、广西等地^[3],具有分蘖能力强、适应性广和抗旱性、抗病性强及耐贫瘠等优良性状^[4],且分布广泛,生态类型丰富。目前,国内外各育种单位都高度重视对斑茅种质资源的收集^[5-8],且开展了形态学标记^[9]、细胞学标记^[10-12]、蛋白质标记^[13-14]、分子标记^[15-17]等遗传多样性评价,在抗寒性^[18]、抗旱性^[19-21]、抗病虫害^[22]等方面做了大量研究。笔者以采自9个省的162份斑茅资源为研究材料,对其表型性状进行遗传多样性分析,探寻该类资源的遗传背景,旨在为甘蔗资源采集、杂交利用和优异基因挖掘提供参考。

1 材料和方法

1.1 材料

以国家甘蔗种质资源圃内保育的162份斑茅种质资源为研究材料。按采集省份统计,162份材料中,云南74份,福建15份,贵州19份,海南18份,四川14份,江西10份,广东4份,广西4份,浙江4份。

1.2 测定指标及方法

试验于2008年11月在国家种质资源圃进行。所有资源均保育在直径0.8 m、深0.8 m的水泥框里。框与框之间的距离为1 m。于每份材料中选出6个正常生长的植株,调查其形态学性状和锤度。对所选取材料的5个数量性状和21个质量性状进行调查,其中数量性状包括叶长、叶宽、株高、茎径、锤度;质量性状包括气根、茎形、空心、蒲心、节间形状、曝光前(后)节间颜色、生长带形状、根点排列、芽形、芽位、芽沟、脱落性、57号毛群、内叶耳、外叶耳、叶姿、叶色、蜡粉带、木栓和生长裂缝。从质量性状中遴选出有多多样性表现的10个

表型性状(曝光前节间颜色、曝光后节间颜色、生长带形状、根点排列、芽形、芽位、57号毛群、叶姿、叶色、蜡粉带)进行表型遗传多样性分析。所有数据均按照文献^[23-24]进行规范和标准化整理。为便于同质量性状一起进行聚类分析,数量性状质量化以1个标准差为间距分为6级。

利用质量性状 Shannon-Wiener 多样性指数分析群体遗传多样性大小, H' 反映群体的遗传多样性水平, $H' = -\sum P_i \ln P_i$,其中, P_i 为某性状第*i*个代码值出现的频率^[25];总的遗传多样性、群内遗传多样性、遗传分化系数和基因流值的计算公式均参考文献^[26]。

1.3 数据分析

利用 SPSS 17.0 软件对数量性状的变异系数进行分析,描述5个数量性状的离散程度。使用 Excel, NTSYSpc2.1 软件分析质量性状的表型频率,计算不同采集地区的 Nei's(1972)遗传距离,同时依据 Nei's(1972)遗传距离,采用非加权配对算术平均法绘制聚类关系图。

2 结果与分析

2.1 数量性状的变异系数

由表1可见,斑茅种质资源5个数量性状的变异系数中,叶宽的变异系数(36.48%)最大,其余顺次为株高的(20.33%)和叶长的(19.71%),锤度的(11.65%)最小,因此,应将数量性状作为斑茅种质资源评价的重要指标。

对5个数量性状的变异系数按采集地区进行比较(表1),株高的变异系数以福建的(30.91%)最大,广西的(11.53%)最小;茎径的以福建的(26.68%)最大,浙江的(8.63%)最小;锤度的以云南的(20.92%)最大,广西的(7.59%)最小;叶片长度以云南的(61.96%)最大,江西的(4.54%)最小;叶片宽度以福建的(67.99%)最大,浙江的(10.97%)最小。

各采集地区5个数量性状的平均变异系数为14.95%~32.15%(表1),其中,云南地区的(32.15%)最大,其余顺次为福建地区的(30.09%)和广东地区的(26.23%),广西地区的(14.95%)最小。

表 1 不同采集地斑茅资源数量性状的变异系数

Table 1 Variation coefficients of quantitative traits among *Erianthus arundinaceum* from different sampling regions

采集地	变异系数/%					
	株高	茎径	锤度	叶长	叶宽	平均
云南	24.24	17.00	20.92	61.96	36.65	32.15
四川	17.65	9.79	10.93	14.84	25.66	15.77
广东	26.26	9.42	14.11	25.64	55.75	26.23
广西	11.53	19.59	7.59	6.71	29.33	14.95
江西	15.76	22.04	8.40	4.54	27.29	15.60
浙江	21.89	8.63	13.08	24.16	10.79	15.71
海南	13.63	17.60	10.23	12.60	37.04	18.22
福建	30.91	26.68	8.78	16.11	67.99	30.09
贵州	21.13	14.15	10.87	10.88	37.87	18.98
平均	20.33	16.34	11.65	19.71	36.48	

2.2 质量性状的遗传多样性

由表 2 结果可见, 9 个采集地区斑茅种质资源质量性状的 Shannon-Wiener 多样性指数平均值为 0.294 2 ~ 0.762 4, 与十倍体割手密群体的质量性状多样性指数^[27]相近, 但比整体甘蔗品种群体的多样性指数^[28]低。9 个采集地区中, 福建地区的多样

性指数最高, 为 0.762 4, 其余顺次为贵州地区的(0.701 9)、四川地区的(0.613 9)和云南地区的(0.601 5), 广西地区(0.294 2)的多样性指数最低。10 个质量性状中, 芽位的多样性指数最高, 为 0.839 2, 其次为叶色的(0.635 4), 根点排列的(0.354 7)最低。

表 2 不同采集地斑茅资源质量性状的 Shannon-Wiener 多样性指数

Table 2 Shannon-Wiener index of qualitative traits among *Erianthus arundinaceum* from different sampling regions

采集地	Shannon-Wiener 多样性指数										
	曝光前 节间颜色	曝光后 节间颜色	生长带 形状	根点排列	芽形	芽位	57 号毛群	叶姿	叶色	腊粉带	平均
云南	0.656 2	0.293 6	0.608 6	0.313 0	0.603 6	1.035 1	0.609 2	0.377 6	0.763 6	0.754 5	0.601 5
四川	0.519 6	0.410 1	0.682 9	0.519 6	0.257 3	0.651 8	0.690 2	0.656 0	0.876 0	0.876 0	0.613 9
广东	0.000 0	1.039 7	0.693 1	0.000 0	0.562 3	0.562 3	0.693 1	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.355 1
广西	0.000 0	0.000 0	0.562 3	0.000 0	0.000 0	0.562 3	0.000 0	0.562 3	0.693 1	0.562 3	0.294 2
江西	0.673 0	0.000 0	0.673 0	0.610 9	0.325 1	0.950 3	0.000 0	0.500 4	0.673 0	0.801 8	0.520 7
浙江	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.693 1	0.562 3	1.039 7	0.000 0	0.000 0	0.000 0	1.039 7	0.333 5
海南	0.687 0	0.425 8	0.450 6	0.348 8	0.556 6	0.936 9	0.633 7	0.687 0	0.683 7	0.450 6	0.586 1
福建	0.690 9	0.690 9	0.673 0	0.500 4	1.077 6	1.060 6	1.322 9	0.392 7	0.970 1	0.244 9	0.762 4
贵州	0.680 6	0.436 2	0.336 5	0.206 2	1.113 8	0.753 4	1.093 8	0.514 7	1.059 2	0.824 7	0.70 19
平均	0.434 1	0.366 3	0.520 0	0.354 7	0.562 1	0.839 2	0.560 3	0.410 1	0.635 4	0.617 2	

2.3 数量性状与纬度、海拔高度的相关性

由表 3 可见, 海拔高度与锤度呈极显著负相关, 而与株高、茎径、叶长、叶宽间的相关性无统计学意义, 表明随着海拔高度的升高, 锤度呈下降趋势。纬度与株高呈极显著负相关, 而与茎径、叶长、叶宽、锤度间的相关性无统计学意义, 表明随着纬度的升高, 株高呈下降趋势。综合来看, 在低纬度、低海拔地区容易采集到植株个体较大、锤度较高的斑茅资源; 在高纬度、高海拔地区容易采集到植株

个体较矮、锤度较低的斑茅资源。

表 3 斑茅数量性状与纬度、海拔高度的相关系数

Table 3 Correlation coefficients between quantitative traits and longitude or altitude

地理指标	相关系数				
	株高	茎径	锤度	叶长	叶宽
海拔高度	-0.132 3	0.039 1	-0.437**	0.062	-0.128 2
纬度	-0.296**	-0.153 0	0.097	-0.102	-0.077 0

示显著相关; *示极显著相关。

2.4 不同采集地斑茅资源的遗传多样性分析

9个采集地区斑茅资源群体内数量性状的遗传多样性指数为0.6296,总遗传多样性指数为0.7254;群体内质量性状的遗传多样性指数为0.1771,总遗传多样性指数为0.2328,表明斑茅种质资源数量性状的遗传变异比质量性状的更丰富。质量性状遗传分化系数为23.95%,基因流值为1.5879;数量性状的遗传分化系数为13.20%,基因流值为3.2878,表明不同采集地区群体之间存在较大的基因交流,群体结构遗传分化不明显。

2.5 不同采集地斑茅资源的聚类分析

各采集地区之间的 Nei's 遗传距离整体偏小,为

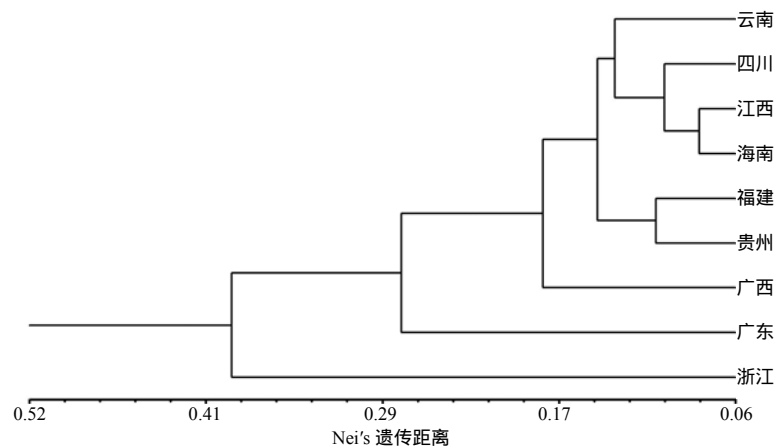


图1 不同采集地斑茅资源的UPGMA聚类结果

Fig. 1 UPGMA dendrogram based on Nei's genetic distance for *Erianthus arundinaceum* from different sampling regions

3 结论与讨论

刘新龙等^[28]研究了来自13个国家共20个地区的1160份甘蔗资源的遗传多样性,为甘蔗遗传育种亲本选择、杂交组合配制及核心种质构建提供了有效信息。肖良等^[29]研究了五节芒种质资源的表型遗传多样性,为中国五节芒的良种选育及资源改良打下了良好的基础。刘新龙等^[27]研究了中国十倍体割手密资源的表型遗传多样性,揭示了十倍体割手密资源的多样性。本研究中的斑茅种质资源群体表型性状在不同采集地区均存在丰富的遗传变异,9个采集地斑茅种质资源群体的株高、茎径等5个表型性状的变异系数为11.65%~36.48%,平均变异系数为20.90%,表明斑茅种质资源的遗传差异较大,遗传多样性水平较丰富;数量性状与采集地的海拔高度、纬度具有相关性,其中锤度与海拔高度呈极显著负相关,株高与纬度呈极显著负相关;UPGMA

0.0834~0.5137,平均遗传距离为0.2272,说明不同采集地区斑茅群体之间的遗传分化程度不高,其中,江西地区和海南地区的遗传距离(0.0834)最小,广西地区与浙江地区的遗传距离(0.5137)最大。此外,四川地区与江西地区的遗传距离(0.0975)较小,浙江地区与海南地区的遗传距离(0.4978)较大。

由图1可见,浙江地区与其他地区的遗传差异最大,最早与大类群分开,其余顺次与大类群分开的是广东地区、广西地区;江西地区与海南地区最早聚为一类,表明两者具有相似的遗传基础,然后与四川地区、福建地区、贵州地区、云南地区聚为一大类。可见,斑茅野生资源的表型与采集地有一定的关系。

聚类分析结果也表明,斑茅种质资源的表型性状与不同采集地有较密切的关系,受地理环境的影响较大。9个采集地斑茅种质资源质量性状的遗传分化系数为23.95%,表明有76.05%的遗传变异来自于采集地内部;数量性状的遗传分化系数为13.20%,表明有86.80%的遗传变异来自于采集地内部。整体而言,质量性状和数量性状都具有较大的基因交流(分别为1.5879和3.2878),其中数量性状的基因流是质量性状基因流的2倍以上,表明在资源评价中应更加重视对数量性状的评价;较大的基因流也表明斑茅种质资源群体分化不明显。这可能与斑茅繁殖方式和环境的自然选择^[30]有关。

参考文献:

- [1] 李杨瑞. 现代甘蔗学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2010: 1-2.
- [2] 彭绍光. 甘蔗育种学[M]. 北京: 农业出版社, 1990:

- 160 .
- [3] 中国科学院中国植物志编委会. 中国植物志: 第十卷第二分册[M]. 北京: 中国农业出版社, 1997: 40–45 .
- [4] 梁绪振, 鄢家俊, 白史且, 等. 斑茅种质资源形态性状的变异研究[J]. 草业科学, 2011, 28(7): 1307–1314 .
- [5] 刀志学, 鄢家俊, 张建波, 等. 斑茅野生种质资源的考察与收集[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(5): 51–55 .
- [6] Nair N V, Somarajan K G. Diversity of *Saccharum* germplasm in Kerala, India[J]. Plant Genet Resources Newsletter, 2003, 135: 40–43 .
- [7] Vigneswaran M, Nair N V. Diversity in *Saccharum* germplasm in Arunachal Pradesh, India[J]. Plant Genetic Resources, 2004, 140: 57–61 .
- [8] Berding N, Koike H. Germplasm conservation of the *Saccharum* complex: A collection from the Indonesian archipelago[J]. Hawaiian Planters Records, 1980, 59(7): 87–176 .
- [9] Xiao F H. Comparison between the *E. arundinaceus* and some species under *Saccharum* and *Erianthus* on the plant morphology and isozyme[J]. Sugarcane, 1994, 1(1): 22–27 .
- [10] 邓祖湖, 李玉婵, 刘文荣, 等. 甘蔗和斑茅远缘杂交后代的染色体遗传分析[J]. 热带作物学报, 2007, 28(3): 63–67 .
- [11] Nair N V, Praneetha M. Cyto-morphological studies on three *Erianthus arundinaceus* (RetZ) Jeswiet accessions from the Andaman-Nicobar Islands, India[J]. Cytologyia, 2006, 71: 107–109 .
- [12] Tagane S, Tagane M Y, Ponragdee W, et al. Cytological study of *Erianthus procerus* and *E. arundinaceus* (Gramineas) in Thailand[J]. Cytologyia, 2011, 76: 171–175 .
- [13] 邓海华, 廖兆周, 李奇伟, 等. 斑茅 F₂ 杂种选育与同工酶标记辅助选择[J]. 甘蔗糖业, 2002(1): 1–5 .
- [14] 刘少谋, 付成, 吴其卫, 等. 斑茅杂种甘蔗 BC₁ 选育研究[J]. 热带农业科学, 2007, 27(3): 9–12 .
- [15] Zhang M Q, Hong Y X, Li Q W, et al. Molecular polymorphic analysis for the germplasms of *Erianthus arundinaceus* collected in China[J]. Journal of Plant Resources and Environment, 2004, 13(1): 1–6 .
- [16] 杨荣仲, 谭裕模, 何为中, 等. RAPD 在鉴定斑茅杂种后代中的应用[J]. 广西蔗糖, 2003(2): 8–12 .
- [17] 吴水金, 潘世明, 陈义强, 等. 甘蔗斑茅属间远缘杂种真实性的 ITS 鉴定[J]. 福建甘蔗, 2008 (8): 13–15 .
- [18] Ram B, Sreenivasan T V, Sahi B K, et al. Introgression of low temperature tolerance and red rot resistance from *Erianthus* in sugarcane[J]. Euphytica, 2001, 122(1): 145–153 .
- [19] 张木清, 潘婕, 翁笑艳, 等. 甘蔗与斑茅抗旱生理生化差异性分析[J]. 热带作物学报, 2004, 25(2): 50–54 .
- [20] 陈义强. 甘蔗抗旱种质资源的筛选及斑茅杂种后代抗旱性分析[D]. 福州: 福建农林大学, 2005 .
- [21] 刘文荣, 张积森, 饶进, 等. 干旱胁迫下斑茅消减文库的构建及分析[J]. 作物学报, 2007, 33(6): 961–967 .
- [22] Piperidis G, Christopher M J, Carroll B J, et al. Molecular contribution to selection of intergeneric hybrids between sugarcane and the wild species *Erianthus arundinaceus*[J]. Genome, 2000, 43(6): 1033–1037 .
- [23] 蔡青, 范源洪. 甘蔗种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京: 中国农业出版社, 2006: 7–40 .
- [24] 蔡青, 范源洪. 农作物种质资源鉴定技术规程: 甘蔗[M]. 北京: 中国农业出版社, 2008: 1–4 .
- [25] 张海平, 方伟民, 陈发棣, 等. 部分睡莲属植物形态性状的多样性分析[J]. 南京农业大学学报, 2009, 32(4): 47–52 .
- [26] 王建林, 旦巴, 成海宏, 等. 西藏野生油菜和栽培油菜遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 中国油料作物学报, 2008, 30(1): 10–16 .
- [27] 刘新龙, 苏火山, 应雄美, 等. 中国十倍体割手密资源的表型相关性及其遗传多样性[J]. 湖南农业大学学报: 自然科学版, 2012, 38(6): 575–579 .
- [28] 刘新龙, 蔡青, 吴才文, 等. 甘蔗品种资源的表型遗传多样性[J]. 生物多样性, 2010, 18(1): 37–43 .
- [29] 肖亮, 蒋建雄, 易自力, 等. 五节芒种质资源的表型多样性分析[J]. 湖南农业大学学报: 自然科学版, 2013, 39(2): 151–154 .
- [30] Liu H F, Gao Y B, Wang D, et al. Genetic differentiation in eight populations of *leymus chinensis* in Inner Mongolia Steppe[J]. Acta Ecologica Sinica, 2004, 24(3): 423–431 .

责任编辑: 王赛群

英文编辑: 王 库