

# 甘蔗近缘种滇蔗茅 (*Erianthus rockii*) 表型性状遗传多样性研究

徐超华<sup>1</sup>, 陆鑫<sup>1</sup>, 刘洪博<sup>1</sup>, 林秀琴<sup>1</sup>, 刘新龙<sup>1</sup>, 苏火生<sup>1</sup>, 马丽<sup>1</sup>, 毛钧<sup>1</sup>, 李旭娟<sup>1</sup>, 蔡青<sup>1,2</sup>

(<sup>1</sup>云南省农业科学院甘蔗研究所/云南省甘蔗遗传改良重点实验室, 开远 661600;

<sup>2</sup>云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所, 昆明 650223)

**摘要:** 选用 6 个数量性状和 23 个质量性状对滇蔗茅野生资源的表型变异、多样性及聚类关系进行分析。结果表明, 数量性状变异系数在 12.72% ~ 22.38% 之间, 最大的是田间锤度, 为 22.38%, 其次是茎径, 为 22.27%, 最小的是叶长, 为 12.72%; 质量性状的曝光后节间颜色多样性丰富, 茎形、芽形、生长裂缝、节间形状、花序形状等 5 个性状均表现一致; 聚类分析表明 51 份滇蔗茅无性系材料可分为 4 大类群和 5 个亚类群。遗传多样性和聚类分析为资源杂交利用和优异基因挖掘提供参考。

**关键词:** 滇蔗茅; 表型性状; 遗传多样性

## Genetic Diversity Analysis of Phenotypic Traits in *Erianthus rockii* Wild Species

XU Chao-hua<sup>1</sup>, LU Xin<sup>1</sup>, LIU Hong-bo<sup>1</sup>, LIN Xiu-qin<sup>1</sup>, LIU Xin-long<sup>1</sup>,

SU Huo-sheng<sup>1</sup>, MA Li<sup>1</sup>, MAO Jun<sup>1</sup>, LI Xu-juan<sup>1</sup>, CAI Qing<sup>1,2</sup>

(<sup>1</sup>Sugarcane Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences/Yunnan Key Laboratory of Sugarcane Genetic Improvement, Kaiyuan 661600; <sup>2</sup>Biotechnology & Genetic Resources Institute, Yunnan Academy of Agriculture Sciences, Kunming 650223)

**Abstract:** Based on 6 quantitative traits and 23 qualitative traits, the phenotypic variation, genetic diversity, and cluster relationships were investigated in *Erianthus rockii* wild species. The results showed that the variation coefficient of the 6 quantitative traits ranged from 12.72% to 22.38% among the 51 materials, brix trait had the greatest coefficient variation of 22.38%, stalk diameter as the next of 22.27%, and lamina length was the smallest of 12.72%. Furthermore, the genetic diversity was abundant in internode colour exposed, however, stalk shape, bud shape, internode shape, growth crack, inflorescence shape did not segregate. Moreover, the cluster analysis indicated these progenies could be divided into 4 groups and 5 subgroups. Genetic diversity and cluster analysis would be helpful to utilization of the materials in breeding and gene discovery.

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

甘蔗是我国主要糖料作物, 其蔗糖产量占全国食糖总产的 90% 以上, 因此甘蔗产量是影响我国食糖产业发展和战略安全的关键因素<sup>[1]</sup>。目前, 现代甘蔗品种主要来源于热带种 (*Saccharum officina-*

*rum*)、割手密 (*S. spontaneum*)、印度种 (*S. barberi*) 的种间杂交后代, 具有相同的祖先, 血缘相近, 故甘蔗育种在产量、糖分和抗逆性等方面难有较大的突破<sup>[2]</sup>。甘蔗育种的实践证明, 每次品种突破均有赖

收稿日期: 2013-12-27 修回日期: 2014-01-13 网络出版日期: 2014-10-13

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20141013.2015.004.html>

**基金项目:** 农业部 2013 年农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); 云南省中青年学术技术带头人后备人才培养项目 (2009CI059); 国家农作物种质资源平台 (2012-044); 云南省高端科技人才引进计划 (2012HA001); 国家现代农业产业技术体系 (CARS-20-6-13); 国家人事部留学人员科技活动优秀项目

第一作者研究方向为甘蔗种质资源利用与研究。E-mail: xuchaohua\_0435@sina.com

通信作者: 蔡青, 从事甘蔗种质资源与分子生物学研究。E-mail: caiqingysri@163.com

于优良基因的发掘和利用,如利用爪哇割手密 G1-gahah 和印度割手密育成的 POJ2878、Co281、Co290 和 Co213 等作为骨干亲本育成的品种,不仅提高了甘蔗的单产和出糖率,而且还提高了甘蔗品种的抗性水平<sup>[3]</sup>。滇蔗茅(*Erianthus rockii* Keng)隶属于蔗茅属,是甘蔗的近缘属野生资源,主要分布于我国云南、四川、西藏等地区<sup>[4]</sup>,海拔在 500~2700 m 的干燥草地,具有较强的抗病性、抗旱性、耐贫瘠等特点<sup>[5-6]</sup>,是甘蔗育种研究的重要资源。国家甘蔗种质资源圃已收集保存了 51 份滇蔗茅材料,本研究通过选用对遗传育种十分重要的数量性状和受环境影响较小、稳定可靠的质量性状,评价滇蔗茅野生群体的遗传多样性,探寻该类资源的遗传背景,为资源杂交利用和优异基因挖掘提供借鉴。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

51 份滇蔗茅材料分别来自云南省农业科学院甘蔗研究所的国家甘蔗种质资源圃。采用挖根移栽方法,将每份资源保育在直径 0.8 m、深 0.8 m 的水泥框里,框与框之间的距离为 1 m,防止串根混杂,土壤类型为红壤,灌水 4 次,雨季清理排水沟,排灌畅通,保证框中无渍无旱,实时施以少量肥料,按时除草,保证每份资源材料的正常生长,调查时每份材料选取 6 个正常生长的植株。

### 1.2 性状调查

试验于 2012 年 12 月初在云南省农业科学院甘蔗研究所国家种质资源圃区进行。对 6 个数量性状和 23 个质量性状进行调查,其中数量性状包括株高、茎径、节间长度、叶长、叶宽、锤度,质量性状包括叶鞘背毛群、内叶耳形状、外叶耳形状、曝光前节间颜色、曝光后节间颜色、芽沟、叶色、空心、生长带形

状、木栓、蒲心、蜡粉带、气根、脱叶性、根点排列、芽形、茎形、节间形状、芽位、叶姿、生长裂缝、花序颜色、花序形状。调查方法参考《甘蔗种质资源描述规范和数据标准》<sup>[7]</sup>和《农作物种质资源鉴定技术规范-甘蔗》<sup>[8]</sup>进行数据的采集和整理。为便于同质量性状一起进行聚类分析,采用一个标准为间隔,将数量性状质量化,以 1 个标准差为间距分为 6 级。

### 1.3 统计分析

采用 SPSS17.0 软件对数量性状进行变异系数(CV)分析,描述 6 个数量性状的离散程度。质量性状用 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,  $H' = -\sum P_i \ln P_i$ ,  $P_i$  为某性状第  $i$  个代码值出现的频率<sup>[9]</sup>;并参照刘新龙等<sup>[10]</sup>、陆鑫等<sup>[11]</sup>的方法,将多样性指数大于 1 定义为多样性丰富,在 0.5~1 之间定义为多样性中等,0.5 以下的多样性偏低。使用 NTSYSpc2.1 计算各材料之间的 SM 相似性系数(simple matching coefficient),并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 数量性状的遗传变异

用变异系数表示性状值离散性特征,变异系数越大则性状离散程度越大<sup>[12]</sup>。滇蔗茅野生资源 6 个数量性状的变异系数见表 1。从表 1 可以看出,6 个数量性状的变异系数具有一定的差异,平均变异系数为 18.01%,变异幅度在 12.72%~22.38% 之间,变异系数由大到小依次为锤度(22.38%)、茎径(22.27%)、节间长度(19.69%)、叶宽(16.10%)、株高(14.90%)、叶长(12.72%),说明在该野生群体中数量性状的遗传变异主要来自于锤度和茎径,其次为节间长度和叶宽,株高与叶长较其他性状相对稳定。

表 1 滇蔗茅数量性状的遗传变异

Table 1 Genetic variation of 6 quantitative traits for *Erianthus rockii*

数量性状	最小值	最大值	均值	标准差	变异系数(%)
Quantitative trait	Min.	Mix.	Mean	SD	CV
株高(cm) SL	111.67	221.20	158.90	23.69	14.90
茎径(cm) SP	0.40	1.17	0.68	0.16	22.27
节间长度(cm) IL	6.70	22.80	15.50	3.05	19.69
叶长(cm) LL	25.72	43.94	33.50	4.26	12.72
叶宽(cm) LW	1.58	3.80	2.70	0.44	16.10
锤度(%) Brix	6.10	16.30	10.10	2.26	22.38
平均值 Mean	—	—	—	—	18.01

SL: Stalk length, SD: Stalk diameter, IL: Internode length, LL: Lamina length, LW: Lamina width. The same as below

## 2.2 数量性状间的相关性

性状间相关分析(表2)结果显示,株高、茎径、叶长、叶宽两两之间的相关系数在 0.415 ~ 0.554 之间,均存在极显著的相关性,株高和茎径相关系

数最高(0.554),而锤度与叶长、叶宽、株高、茎径之间均无显著相关性。节间长度与株高、叶长呈显著或极显著相关性,而与茎径、叶长、叶宽、锤度不相关。

表2 滇蔗茅数量性状之间的相关系数

Table 2 Correlation among quantitative traits for *Erianthus rockii*

性状 Trait	株高 SL	茎径 SD	节间长度 IL	叶长 LL	叶宽 LW	锤度 Brix
株高 SL	1					
茎径 SP	0.554 **	1				
节间长度 IL	0.662 **	0.174	1			
叶长 LL	0.531 **	0.415 **	0.308 *	1		
叶宽 LW	0.529 **	0.534 **	0.217	0.594 **	1	
锤度 Brix	-0.1	0.064	-0.213	-0.026	-0.132	1

\*:显著相关( $P < 0.05$ ), \*\*:极显著相关( $P < 0.01$ )

\*:Significant correlation( $P < 0.05$ ), \*\*:Highly significant correlation( $P < 0.01$ )

## 2.3 遗传多样性评价

根据 23 个质量性状计算 51 份滇蔗茅野生群体的 Shannon-Wiener 多样性指数(表3),可以看出,23 个质量性状的 Shannon-Wiener 多样性指数在 0 ~ 1.2706 之间,平均值为 0.4372。曝光后节间颜色的多样性指数大于 1,为 1.2706,表现出较丰富的多态性;芽位、外叶耳形状、叶姿、生长带形状、内叶耳形状、空心、蜡粉带、叶色、气根、蒲心、根点排列等

11 个性状的多样性处于中等水平,多样性指数介于 0.5455 ~ 0.9735;木栓、曝光前节间颜色、叶鞘背毛群、脱叶性、花序颜色、芽沟等 6 个性状的多样性偏低,多样性指数介于 0.0965 ~ 0.3867;茎形、节间形状、芽形、生长裂缝、花序形状等 5 个性状在群体中均表现抑制,未出现分化,其多样性指数均为 0,这 5 个性状在该群体中表现为茎形直立、圆筒形节间、三角形芽形、无生长裂缝、圆锥形花序。

表3 滇蔗茅质量性状的 Shannon-Wiener 多样性指数

Table 3 Shannon-Wiener index of qualitative trait for *Erianthus rockii*

质量性状 Qualitative trait	Shannon-Wiener 指数 Shannon-Wiener index	质量性状 Qualitative trait	Shannon-Wiener 指数 Shannon-Wiener index
曝光后节间颜色 Internode colour exposed	1.2706	木栓 Corky patch	0.3867
芽位 Bud placement	0.9735	曝光前节间颜色 Internode colour unexposed	0.3207
外叶耳形状 Shape of outer auricle	0.6929	叶鞘背毛群 Hair group	0.3190
叶姿 Angle of lamina to culm	0.6929	脱叶性 Sheath detached from culm	0.1654
生长带形状 Growth ring shape	0.6914	花序颜色 Inflorescence colour	0.0965
内叶耳形状 Shape of inner auricle	0.6836	芽沟 Bud furrow	0.0965
空心 Pipe	0.6602	茎形 Stalk shape	0
蜡粉带 Wax band	0.6492	节间形状 Internode shape	0
叶色 Lamina colour	0.6365	芽形 Bud shape	0
气根 Aerial root	0.5876	生长裂缝 Growth crack	0
蒲心 Pith	0.5870	花序形状 Inflorescence shape	0
根点排列 Root primordial	0.5455	平均值 Mean	0.4372

### 2.4 滇蔗茅遗传距离与聚类分析

以 29 个表型性状为指标计算各材料之间的 SM 遗传相似性系数,结果表明,51 份滇蔗茅无性系遗传相似性系数为 0.379 ~ 0.862。其中云南 2007-15 与云南 2008-2,云南 2008-1 与云南 2009-30 之间的

遗传相似性系数最大,为 0.862;云南 2009-22 与云南 2007-51 之间的遗传相似性系数最低,为 0.379。在遗传相似性系数基础上,运用非加权配对算术平均法进行聚类分析(图 1)。

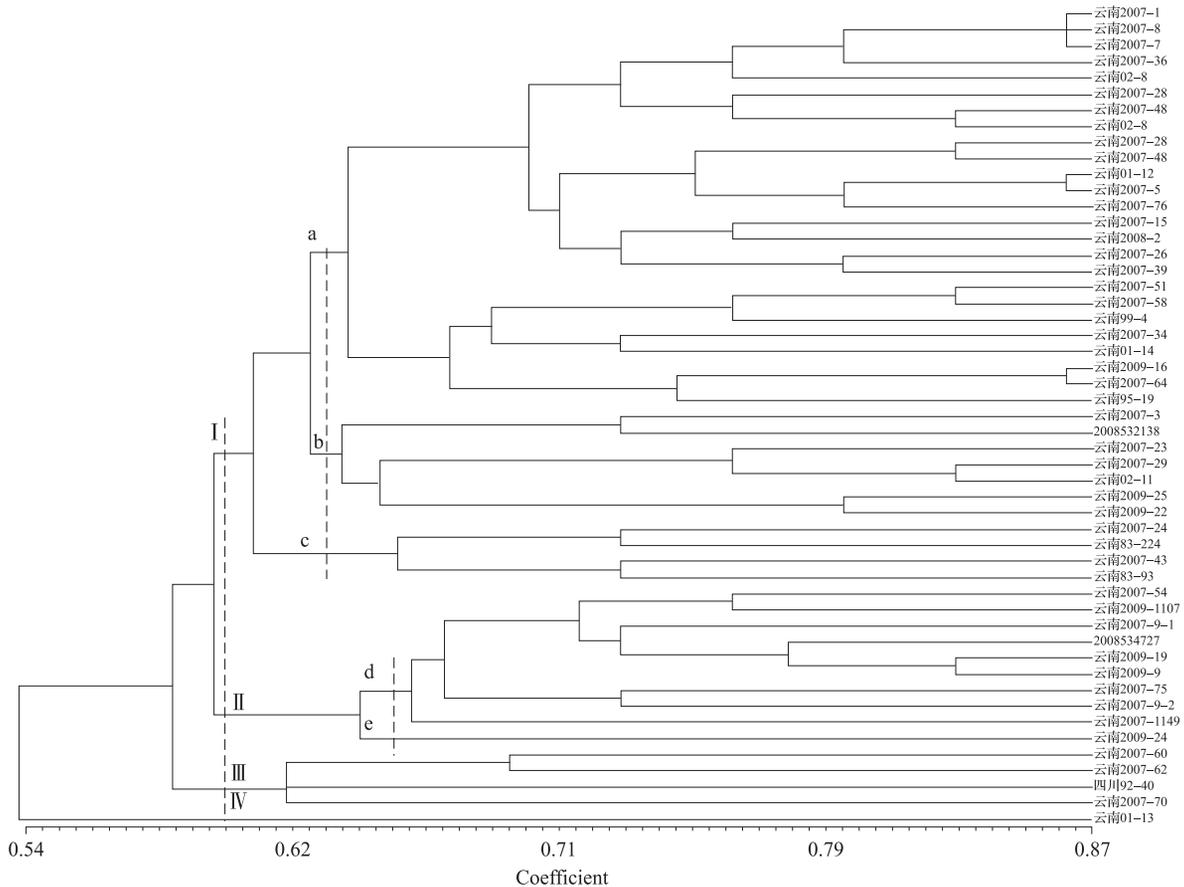


图 1 基于表型性状的聚类图

Fig. 1 Dendrogram analysis based on phenotypic traits

从图 1 可以看出,当遗传相似性系数为 0.60 时,可将 51 份滇蔗茅无性系材料划分为 4 个大类群。第 I 大类群由云南 2007-1 等 36 份材料组成,第 I 大类群与第 II 大类群相似性较高,遗传距离较近;在遗传相似性系数为 0.63 处,可将第 I 大类群细分为 a、b、c 3 个亚群,其中 a 亚群由云南 2007-8 等 25 份材料构成,该亚群主要特征为芽沟深、脱叶性紧、无木栓、无叶鞘背毛群、曝光前节间黄绿色、淡紫色花序,平均叶片长度在所有类群中最小,为 32.20 cm;b 亚群由云南 2007-3 等 7 份材料组成,主要特征为内叶耳退化、脱叶性紧、无木栓,平均节间长度在所有类群中最小,平均田间锤度最高,分别为 13.7 cm、11.9%;c 亚群由云南 2007-24 等 4 份材料构成,主要特征为根点排列不规则、有空心、芽沟深、叶色黄绿色、淡紫色花序,平均株高、茎径、节间长

度、叶宽在所有类群中均较高,分别为 194.10 cm、0.94 cm、19.65 cm、3.28 cm。

第 II 大类群由云南 2007-54 等 10 份材料组成,在遗传相似性系数为 0.65 处,可将该类群细分为 d、e 2 个亚群,其中 d 亚群由云南 2009-1107 等 9 份材料组成,主要特征为芽沟深、有空心、脱叶性紧、外叶耳退化、淡紫色花序;e 亚群由云南 2009-24 材料构成,该亚群主要特征为叶鞘背毛群少,平均叶片宽度在所有类群中最小,为 2.32 cm。

第 III 大类群由云南 2007-70 等 4 份材料构成,该类群主要特征为蒲心重、脱叶性紧、无叶鞘背毛群、内外叶耳退化、叶姿挺直、淡紫色花序颜色,平均株高、茎径在所有类群中最小,分别为 134.71 cm、0.54 cm。

第 IV 大类群由云南 01-13 单独构成,该类群主

要特征为斑块性木栓,平均株高、茎径、节间长度、叶长、叶宽在所有类群中最大,分别为 216.42 cm、1.00 cm、22.80 cm、43.31 cm、3.82 cm,平均田间锤度最小,为 7.2%。

### 3 讨论

遗传多样性是生物多样性的的重要组成部分,是种内个体之间或群体内不同个体遗传变异的总和。目前,研究作物种质资源遗传多样性的标记主要有:形态学标记<sup>[10-11,13]</sup>、细胞学标记<sup>[14]</sup>、同工酶标记<sup>[15]</sup>和 DNA 分子标记(RFLP、RAPD、AFLP、SSR 等)<sup>[16-19]</sup>等。形态学标记中,质量性状受环境影响较小,比较稳定可靠,能够起到遗传基因标记作用,数量性状受环境影响较大,但数量性状也是资源种性的重要体现,具有简单直观的优势<sup>[20]</sup>。因此通过质量性状和数量性状数据评价资源特性和遗传关系仍是资源评价的重要手段。本研究通过对滇蔗茅表型性状(包括数量和质量性状)进行遗传多样性评价,希望能够为育种工作者提供有价值的遗传信息。本研究选用 29 个表型性状对 51 份滇蔗茅种质资源遗传多样性分析表明,6 个数量性状表现出连续性变异,变异幅度和变异系数均较大,具有很大的选择潜力,其变异系数在 12.72% ~ 22.38% 之间,说明滇蔗茅野生资源存在丰富的多样性,这可能与其多样化生境有关,数量性状的遗传变异主要来自于茎径和田间锤度,其次为节间长度和叶宽。Shannon-Wiener 多样性指数进一步分析表明,质量性状遗传变异主要来自于曝光后节间颜色,其次为芽位、外叶耳形状、根点排列等 11 个性状,茎形、芽形等 5 个性状均未出现分化,表明这 5 个性状在群体中能够得到稳定遗传。本研究得出曝光后节间颜色存在丰富的遗传多样性,原因可能有:(1)曝光时间的长短及光照强度的不同;(2)调查的试验材料还不充足;(3)分析数据为一年数据,不是多年数据;(4)人为主观因素误差引起。基于以上原因本课题组将对这一性状展开后续的观察。UPGMA 聚类分析将 51 份滇蔗茅材料分成 4 个大类群,5 个亚类群,滇蔗茅材料之间的遗传相似性处于中等水平,其中 b 亚群平均锤度最高,第 IV 大类群平均株高、茎径、节间长度、叶长、叶宽最大,这些类群野生资源具备高产和高糖的潜力,应作为首选杂交利用。

近年来随着国家对甘蔗野生种质资源的重视,国家甘蔗资源圃陆续开展了滇蔗茅种质资源的收集,目前已收集到近 51 份滇蔗茅材料,但不同省份滇蔗茅材料在数量上差异较大,如云南的较多,四川、西藏太少,主要集中于滇西南亚热带湿润地区。要准确确定我国滇蔗茅分布类型及遗传多样性丰富情况,有待进一步广泛收集滇蔗茅野生资源,扩大试验群体。鉴于野生资源的珍贵性和极易丢失等特点,有必要在未采集的适生地开展更大规模的收集工作。

### 参考文献

- [1] 李杨瑞. 现代甘蔗学[M]. 北京:中国农业出版社,2010
- [2] 彭绍光. 甘蔗育种学[M]. 北京:农业出版社,1990:160
- [3] 陈如凯. 现代甘蔗遗传育种[M]. 北京:中国农业出版社,2011
- [4] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志[M]. 北京:科学技术出版社,1990
- [5] 李文凤,蔡青,黄应昆,等. 甘蔗野生资源对蔗茅柄锈菌的抗性鉴定[J]. 植物保护,2005,31(2):51-53
- [6] 刘新龙,蔡青,毕艳,等. 中国滇蔗茅种质资源遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 作物学报,2009,35(2):262-269
- [7] 蔡青,范源洪. 甘蔗种质资源描述规范和数据标准[S]. 北京:中国农业出版社,2006
- [8] 蔡青,范源洪. 农作物种质资源鉴定技术规程:甘蔗[S]. 北京:中国农业出版社,2008
- [9] 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
- [10] 刘新龙,马丽,蔡青,等. 云南甘蔗品种表型性状的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(6):703-708
- [11] 陆鑫,刘新龙,毛钧,等. 甘蔗野生种滇蔗茅利用研究 III. 滇蔗茅杂种 F<sub>1</sub> 群体的表型变异与遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2013,14(4):749-753
- [12] 李斌,顾万春,卢宝明. 白皮松天然群体种实性状表型多样性研究[J]. 生物多样性,2002,10(2):181-188
- [13] 梅芳,王军辉,贾继文,等. 楸树种质生长和叶部性状的遗传多样性[J]. 植物遗传资源学报,2014,15(1):206-210
- [14] 杨国华,英加,李滨,等. 荧光原位杂交技术在植物细胞遗传学和绘制基因图谱中的应用现状与展望[J]. 西北植物学报,2002,22(2):421-429
- [15] 杨文,何如洲,程剑平,等. 甘蔗过氧化物酶同工酶分析[J]. 植物学通报,1998,15(6):65-69
- [16] 张春红,李金州,朱镇,等. 利用 SSR 标记和表型性状聚类分析食味优良粳稻多样性[J]. 中国水稻科学,2009,23(6):573-582
- [17] 康红梅,李保云,孙毅. 花生表型及 SSR 遗传多样性的研究[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(1):71-76
- [18] 邸宏,陈伊里,金黎平. RAPD 和 AFLP 标记分析中国马铃薯主要品种的遗传多样性[J]. 作物学报,2006,32(6):899-904
- [19] 陈亮,梁春阳,孙传清,等. AFLP 和 RFLP 标记检测水稻亲本遗传多样性比较研究[J]. 中国农业科学,2002,35(6):589-595
- [20] 陈东明. 遗传标记及其在园艺植物研究中的应用[J]. 农业生物技术科学,2005,21(7):66-69