

的抗旱性,已广泛应用于小麦、水稻、玉米、大豆等作物抗旱性评价中<sup>[9,15-18,21]</sup>。灰色关联度分析要以参考序列为基准来分析与其他序列的关联度,依此评价作物的抗旱性,在小麦<sup>[9]</sup>、玉米<sup>[21]</sup>等作物中有对照品种作为参考序列,评价结果可靠。本研究在没有对照品种的情况下,以所有材料各性状的最大值构建了一个理想品种作为参考序列,分析结果较其他方法差异大,原因可能在于理想品种与实际品种性状差异太大,影响分析结果。加权隶属函数值法较综合抗旱系数、平均隶属函数法既考虑了各指标间的相互关系,又考虑到各指标的重要性,从而使得出的结论与实际结果更为接近<sup>[17,22]</sup>。因此,本研究认为糜子(黍稷)芽期快速鉴定可利用相对发芽率、综合鉴定与评价以加权隶属函数值法较可靠。

### 3.2 抗旱性鉴定指标

作物抗旱鉴定指标概括起来主要有农艺性状指标、生理生化指标<sup>[15-19]</sup>。近年来相关抗旱基因、蛋白的研究更能确切地分析鉴定作物的抗旱性<sup>[20,23-24]</sup>,在糜子中已有抗旱节水相关基因 *PmMYB* 的报道<sup>[2]</sup>。糜子芽期抗旱鉴定指标仅有张盼盼等<sup>[6]</sup>采用 PEG6000 模拟干旱胁迫条件下,研究了不同糜子品种(系)芽期的芽长、芽鞘长、胚根长、根干重、芽干重等性状的变化,认为相对发芽率、相对根长、相对芽干重、相对芽鞘长、相对芽长和相对根干重可作为糜子芽期抗旱性的鉴定指标,本研究结合两类抗旱性评价方法,筛选出贮藏物质相对转运率、相对根干重、相对芽干重、相对发芽率可作为一级抗旱鉴定指标,与其研究基本相符。

### 3.3 抗旱品种筛选

不同作物品种对干旱的适应能力有较大差异,在干旱条件下抗旱品种产量比较稳定,因此旱作农业区品种选育非常重视品种的抗旱性。由于野生近缘种和农家品种在长期适应过程中具有较好的抗旱性,尽管存在产量低、植株高、抗病性差等不良性状,育种实践中常常被用作亲本材料来选育强抗旱品种。本研究筛选出3个强抗旱性品种晋黍2号、陇糜5号和陇糜8号,其中晋黍2号是从农家品种天镇黍子中系选育的,陇糜5号是用会宁野糜子作亲本创制的中间材料和农家品种杂交选育而成的,而陇糜8号是经过多年水旱条件下的穿梭选育,因此这些品种不仅抗旱性强,也具有较好的丰产性和适

应性,在生产上得到大面积应用。

### 参考文献

- [1] 江龙. 作物抗旱性的研究方法[J]. 贵州农业科学, 1999, 27(5): 70-72
- [2] 胡银岗, 林凡云, 王士强, 等. 糜子抗旱节水相关基因 *PmMYB* 的克隆及表达分析[J]. 遗传, 2008, 30(3): 373-379
- [3] 贾根良, 代惠萍, 冯佰利, 等. PEG 模拟干旱胁迫对糜子幼苗生理特性的影响[J]. 西北植物学报, 2008, 28(10): 2073-2079
- [4] 山仑, 郭礼坤. 春播谷类作物成苗期间的抗旱性及其需水条件[J]. 作物学报, 1984, 10(4): 257-263
- [5] 王纶, 温琪汾, 曹厉萍, 等. 黍稷抗旱种质筛选及抗旱机理研究[J]. 山西农业科学, 2007, 35(4): 31-34
- [6] 张盼盼, 冯佰利, 王鹏科, 等. 糜子芽期抗旱性指标鉴定与利用研究[J]. 河北农业科学, 2010, 14(11): 22-27
- [7] 张盼盼, 冯佰利, 王鹏科, 等. 干旱条件下糜子叶片衰老与保护酶活性变化[J]. 干旱地区农业研究, 2010, 28(2): 99-103
- [8] 冯晓敏, 张永清. 水分胁迫对糜子植株苗期生长和光合特性的影响[J]. 作物学报, 2012, 38(8): 1513-1521
- [9] 杨子光, 张灿军, 冀天会, 等. 小麦抗旱性鉴定方法及评价指标研究IV: 萌发期抗旱指标的比较研究[J]. 中国农学通报, 2007, 23(12): 173-176
- [10] 曹俊梅, 周安定, 吴新元, 等. 不同基因型冬小麦抗旱性鉴定及相关抗旱指标分析[J]. 新疆农业科学, 2011, 48(12): 2157-2164
- [11] 鲁守平, 孙群, 洪露, 等. 不同种源地乌拉尔甘草发芽期抗旱性鉴定[J]. 植物遗传资源学报, 2007, 8(2): 189-194
- [12] 张健, 池宝亮, 黄雪芳, 等. 以活力抗旱指数作为玉米萌芽期抗旱性评价指标的初探[J]. 华北农学报, 2007, 22(1): 22-25
- [13] 陈波, 张燕, 蔡光泽, 等. 攀西地区玉米地方品种萌芽期抗旱性研究[J]. 中国农学通报, 2011, 27(21): 58-63
- [14] Bouslama M. Stress tolerance in soybeans[J]. Evaluation Crop Sci, 1984, 24: 933-937
- [15] 贾寿山, 朱俊刚, 王曙光, 等. 山西小麦地方品种萌发期的抗旱性[J]. 华北农学报, 2011, 26(2): 213-217
- [16] 严明建, 黄文章, 胡景涛, 等. 应用隶属函数法鉴定水稻的抗旱性[J]. 杂交水稻, 2009, 24(5): 76-79
- [17] 武仙山, 昌小平, 景蕊莲. 小麦灌浆期抗旱性鉴定指标的综合评价[J]. 麦类作物学报, 2008, 28(4): 626-632
- [18] 李贵全, 李慧峰, 张海燕, 等. 大豆花荚期抗旱性的鉴定与综合评价[J]. 中国生态农业学报, 2007, 15(6): 96-100
- [19] 路贵和, 戴景瑞, 张书奎, 等. 不同干旱胁迫条件下我国玉米骨干自交系的抗旱性比较研究[J]. 作物学报, 2005, 31(10): 1284-1288
- [20] 栗文娟, 刘志斋, 石云素, 等. 基于元分析和生物信息学分析的玉米抗旱相关性状 QTL 一致性区间定位[J]. 作物学报, 2010, 36(9): 1457-1467
- [21] 张文英, 柳斌辉, 杨国航, 等. 玉米不同时期抗旱性鉴定指标的灰色关联度与聚类分析[J]. 华北农学报, 2008, 23(S): 96-98
- [22] 李贵全, 张海燕, 季兰, 等. 不同大豆材料抗旱性综合评价[J]. 应用生态学报, 2006, 17(12): 2408-2412
- [23] Srividhya A, Vemireddy L R, Ramanarao P V, et al. Molecular mapping of QTLs for drought related traits at seedling stage under PEG induced stress conditions in rice [J]. Am J Plant Sci, 2011, 2: 190-201
- [24] 张洁, 谢惠民, 吕树作, 等. 水分胁迫条件下冬小麦幼苗应答蛋白的表达及其与品种抗旱性的关系[J]. 麦类作物学报, 2007, 27(2): 303-308

# 怒江干热河谷杧果种质资源的表型和 AFLP 遗传多样性分析

张翠仙<sup>1</sup>, 尼章光<sup>1</sup>, 陈华蕊<sup>2</sup>, 陈于福<sup>1</sup>, 解德宏<sup>1</sup>, 龙亚芹<sup>1</sup>, 张发明<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>云南省农业科学院热带亚热带经济作物研究所, 保山 678000; <sup>2</sup>中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所, 海南儋州 571737)

**摘要:** 利用表型和 AFLP 标记, 对怒江干热河谷 57 份杧果种质进行遗传多样性分析。表型性状分析结果表明: 8 个表型性状在不同的种质间表现出较大的差异, 变异系数变化范围为 16.98% ~ 61.50%, 多样性指数 ( $H'$ ) 平均为 3.975, 其中单果重变异较大。AFLP 分析结果显示: 57 份种质共产生 1098 条带, 其中多态性条带为 1032 条, 多态性比率为 94.0%, 相似系数在 0.55 ~ 0.82 之间。AFLP 聚类分析结果及主成分分析结果均表明种质间具有复杂的遗传关系, 且怒江干热河谷杧果种质的亲缘关系与地理分布没有明显的相关性。表型性状聚类和 AFLP 分子标记聚类分析的结果相对一致, 均能较准确地将优势类群聚在一起, 且表明 57 份杧果种质具有较丰富的遗传多样性。

**关键词:** 杧果; AFLP; 遗传多样性; 怒江干热河谷

## Genetic Diversity of Mango (*Mangifera indica* L.) in Nujiang Dry-hot Valley Revealed by Morphological Characters and AFLP Marker

ZHANG Cui-xian<sup>1</sup>, NI Zhang-guang<sup>1</sup>, CHEN Hua-rui<sup>2</sup>, CHEN Yu-fu<sup>1</sup>,  
XIE De-hong<sup>1</sup>, LONG Ya-qin<sup>1</sup>, ZHANG Fa-ming<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Tropical and Subtropical Cash Crops Institute of Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Baoshan 678000;

<sup>2</sup>Tropic Crops Genetic Resources Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Danzhou Hainan 571737)

**Abstract:** In this study, morphological characters and AFLP markers were used to reveal the genetic diversity of 57 accessions in mango germplasm from Nujiang Dry-hot Valley. Morphological characters displayed significant difference in these mango germplasm, with a coefficient of variation ranging from 16.98% to 61.50% and the average Shannon index was 3.975, in which the weight of simple fruit was the highest CV value. AFLP analysis showed that 8 primer combinations generated 1098 bands, of which 1032 bands were polymorphic, and the overall polymorphic loci percentage was 94.0%. The genetic similarity coefficients ranged from 0.55 to 0.82. The UPGMA dendrogram and principal component analysis showed complicated genetic relationship among varieties. Based on these results, there was no direct connection between the genetic relationship and geographic distribution for mango germplasm in Nujiang Dry-hot Valley. The result of the clustering analysis with AFLP molecular marker was similar to morphological data on accurately clustering dominant groups, which suggested a higher genetic diversity of these mango germplasm.

**Key words:** Mango (*Mangifera indica* L.); AFLP; genetic diversity; Nujiang Dry-hot Valley

杧果在我国南方热带亚热带地区均有分布, 尤其是海南、广东、云南、广西等省份栽培面积较大。

在云南, 杧果广泛分布于南部和西南部亚热带地区, 怒江干热河谷位于滇西横断纵谷, 河谷区气候为南

收稿日期: 2013-09-25 修回日期: 2013-12-03 网络出版日期: 2014-06-09

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20140609.1422.015.html>

基金项目: 云南省科技厅面上基金项目 (2010CD005)

第一作者研究方向为热带果树遗传育种。E-mail: zhangcuijian1570@126.com

通信作者: 尼章光, 研究方向为热带果树种质资源。E-mail: nzc999@163.com

亚热带向热带过渡的干热河谷气候,由于其特殊气候特征,该地区杧果分布较多<sup>[1]</sup>。这些杧果资源分布于荒山原野、低热河谷和江河流域。在漫长的繁衍和演化过程中,经历各种不良气候和病虫害的侵袭考验等自然选择,得以延存至今,且获得了良好的适应性、抗逆性以及其它许多优异性状。但由于缺乏对杧果种质资源科学的研究与保护,再加上生态环境的恶化以及各种自然和人为因素的影响,大量杧果种质资源濒临灭绝,遗传资源多样性不断减少。因此,深入研究怒江干热河谷杧果的遗传多样性水平,对科学有效地保护杧果种质资源,收集优良杧果资源,丰富和改良现有栽培品种具有重要意义。

随着生物学研究的不断发展,检测遗传多样性的方法也不断丰富和创新,经历了形态学水平、细胞学水平、生理生化水平及目前的分子水平。从表型性状来检测遗传变异是最直接、最简便易行的方法<sup>[2]</sup>。运用形态学方法检测遗传变异的关键在于根据表型上的差异来反映基因型上的差异。由于植株的表型是多基因共同调控、表达,并且受环境等影响,因此仅依靠形态学标记不能很好地得到客观全面的遗传信息。

AFLP(amplified fragment length polymorphism)技术是一种有效的用于种群研究的分子标记技术,目前已经广泛应用于遗传多样性和亲缘关系分析、品种鉴定和指纹图谱构建、遗传图谱构建、分子标记辅助选择育种、基因表达与调控研究等方面<sup>[3-8]</sup>。怒江干热河谷丰富的杧果种质资源除了少部分资源有关于表型<sup>[9-11]</sup>和遗传多样性<sup>[12]</sup>的研究外,大量的资源尚未被完全研究利用。

本研究利用 AFLP 技术结合表型性状,对怒江干热河谷 57 份杧果种质进行遗传多样性研究,探讨种质间的遗传差异及其遗传关系,从而为怒江干热河谷的杧果种质的有效保存和合理利用提供科学依据,为杧果品种鉴别、优良品种选育及改良提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

供试材料分别取自云南省怒江干热河谷的芒苍、芒海、坝湾、丙闷、赧浒 5 个地区野生状态下的杧果树,共 57 份杧果种质资源。被调查的种质资源均以嫁接的方式保存在热带亚热带经济作物研究所种质资源圃内,并于 2010-2012 年连续进行了表型性状测量。材料编号、名称和来源地见表 1。

表 1 供试材料

Table 1 Materials used in the experiment

序号 No.	种质资源 Germplasm	来源地 Geographic origin
c1 ~ c11	芒苍 1 号 ~ 11 号	怒江干热河谷芒苍
c12 ~ c23	芒海 1 号 ~ 12 号	怒江干热河谷芒海
c24 ~ c34	坝湾 1 号 ~ 11 号	怒江干热河谷坝湾
c35 ~ c46	丙闷 1 号 ~ 12 号	怒江干热河谷丙闷
c47 ~ c57	赧浒 1 号 ~ 11 号	怒江干热河谷赧浒

### 1.2 主要果实性状分析

依据杧果种质资源描述规范和数据标准<sup>[13]</sup>,对杧果的单果重、果实长度、果实宽度、果实厚度、种子重、种子长、可食率以及可溶性固形物 8 个主要果实性状进行调查和测定。利用 SPSS 19.0 软件对数据进行基本统计分析和聚类分析。

### 1.3 AFLP 分析

基因组 DNA 的提取采用雷新涛等<sup>[14]</sup>改进后的 CTAB 法。所提取的基因组 DNA 用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测质量,用核酸蛋白仪检测其浓度。稀释至 20 ng/ $\mu$ L,置于 -20 °C 保存备用。

从 64 对 *EcoR* I / *Mse* I 引物中筛选出带型清晰且多态性较好的 8 对引物对进行试验。采用 AFLP 分析试剂盒(购自北京鼎国生物技术有限责任公司)进行 AFLP 分析。扩增体系为 25  $\mu$ L,其中预扩增产物稀释后的 DNA 样品 2.0  $\mu$ L,10  $\times$  PCR buffer 2.5  $\mu$ L, *EcoR*I 引物和 *Mse*I 引物各 1.0  $\mu$ L, 2.5 mmol/L dNTPs 0.5  $\mu$ L, *Taq* DNA 聚合酶 0.5  $\mu$ L, 加 ddH<sub>2</sub>O 至 25  $\mu$ L。扩增程序如下:94 °C 2 min; 94 °C 30 s, 65 °C 30 s, 72 °C 80 s, 梯度降温, 每个循环降低 0.7 °C, 共 12 个循环; 94 °C 30 s, 55 °C 30 s, 72 °C 80 s, 共 23 个循环; 72 °C 5 min; 4 °C 保存。采用 6% 的聚丙烯酰胺变性凝胶电泳及银染法检测。

利用 GENESCAN 3.1 软件对胶图进行数据提取,选择合适的内标即 SIZE STANDARD 并设置软件合适的分析参数进行分析。通过 Binthere 软件将结果转化为 XLS 格式,将表内的数值不为 0 的转换为 1(数值为 0 的不转换),从而生成由“1”和“0”组成的原始矩阵。利用 NTSYS-2.10e 软件对得到的遗传距离矩阵进行非加权配对算术平均法(UPGMA, unweighted pair-group method with arithmetic means)聚类分析和主成分分析,构建聚类图和主成分分析图。

## 2 结果与分析

### 2.1 果实性状分析

对 57 份杧果资源的 8 个主要果实性状进行基本统计分析(表 2)。结果表明,怒江干热河谷区杧果果实主要性状之间存在较大差异,不同性状在不同材料间表现出不同程度的多样性。果实性状变异

表 2 供试杧果主要果实性状的统计分析结果

Table 2 Statistical analysis of main traits of mango fruits in the study

性状 Traits	最小值 Min.	最大值 Max.	平均值 Mean	标准差 SD	变异系数(%) CV	多样性指数 $H'$
单果重(g) Weight per fruit	27.20	230.00	90.10	55.41	61.50	3.86
果长(cm) Fruit length	4.48	11.74	7.15	1.87	26.15	4.01
果宽(cm) Fruit width	2.82	6.80	4.42	1.04	23.53	4.02
果厚(cm) Fruit thickness	2.63	5.40	3.93	0.79	20.10	4.02
种子长(cm) Seed width	3.86	10.30	6.26	1.66	26.52	3.94
种子重(g) Weight per Seed	2.10	35.60	16.27	7.54	46.34	4.01
可食率(%) Edible rate	23.55	81.11	59.78	12.74	21.31	3.91
可溶性固形物(%) Soluble solids	11.80	24.50	17.55	2.98	16.98	4.03

### 2.2 果实性状的聚类分析

根据杧果的 8 个果实性状,对 57 份杧果资源进行聚类分析(图 1)。从图可以看出,根据所调查的

系数最大的是单果重,达到了 61.50%,其次是种子重,为 46.34%,其他变异系数大多在 20% 左右,依次是种子长、果长、果宽、可食率、果厚,可溶性固形物变异系数最小(为 16.98%)。多样性指数( $H'$ )变化范围不大,平均为 3.975,总体上表现出较高的遗传多样性。

果实性状,在遗传距离 17 处将 57 份杧果种质分为 2 个大类群,第 I 类包括 23 份资源,又分为 2 个亚类,第 I-1 亚类包括 21 个个体,主要特点表现为果实较大,可食率较高,可溶性固形物含量中等;第 I-2 亚类包括 c53 和 c54 两个个体,果实大小为供试材料中最大,可食率比第 I-1 亚类高,可溶性固形物含量中等。

第 II 类包括 34 份资源,其中第 II-1 亚类包括 14 个个体,其表现为果实较大,但比 I-2 亚类小,可食率较高,可溶性固形物含量也较高;其余资源全部聚为第 II-2 亚类,并分为 3 个分支,a 与 b 分支表现为果实相对较小,可食率相对较低,但可溶性固形物较高;分支 c 表现为果实较小,可食率和可溶性固形物含量均比较低。

### 2.3 引物多态性分析

利用 8 对引物对 57 份杧果种质进行 AFLP 分析,结果见图 2 和表 3。8 对引物共扩增出 1098 条带,其中多态性带为 1032 条,占 94.0%。不同引物组合扩增效率有所不同,引物组合 E-AAC/M-CTA 和 E-AAG/M-CTA 效率最高,多态性位点百分率均达 95.7%,引物组合 E-AAC/M-CTT 最低,多态性位点百分率为 90.1%;平均每对引物组合扩增条带数为 137.3 条,多态性带 129 条(表 3)。经 AFLP 技术分析可知怒江干热河谷杧果种质具有较高的遗传多样性水平。

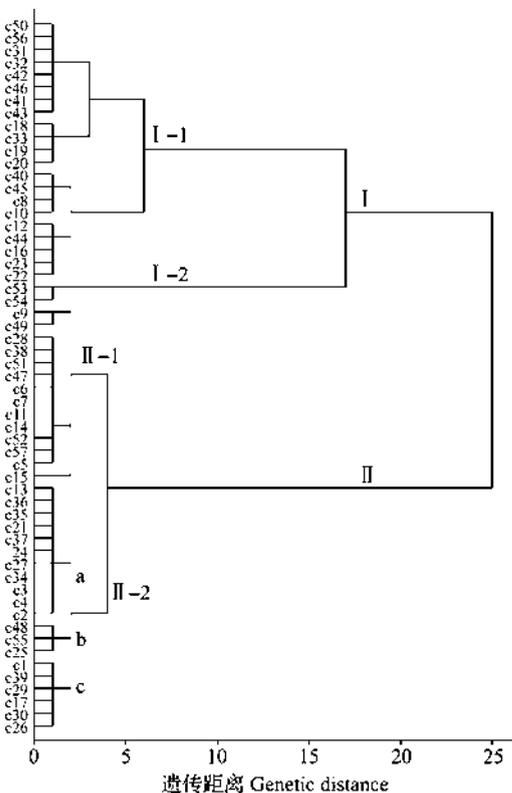
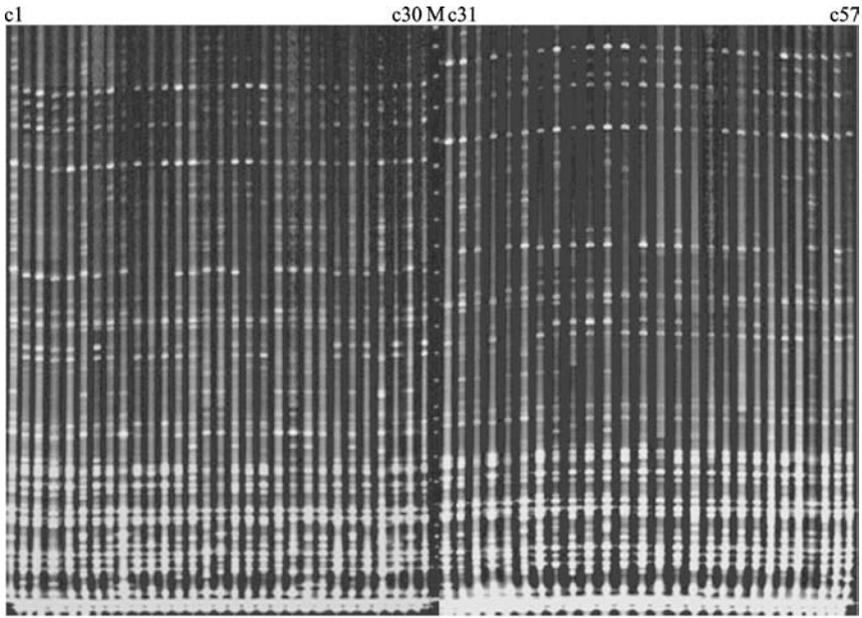


图 1 杧果果实性状的模糊聚类分析图

Fig. 1 Cluster analysis for main traits of mango fruits



从左至右依次是c1~c30号、Marker和c31~c57号样品  
From left to right are accessions c1-c30 successively, Marker and accessions c31-c57 successively

图2 引物组合 E-AAG/M-CTT 的扩增结果

Fig. 2 Amplified result by using primer combination E-AAG/M-CTT

表3 AFLP 引物组合及扩增结果

Table 3 Primer combinations of AFLP and amplification results

引物组合 Primer combinations	扩增条带数 Total bands	多样性条带 Polymorphic bands	多态率(%) Polymorphism ratio
E-AAC/M-CAT	133	123	92.5
E-AAC/M-CTA	140	134	95.7
E-AAC/M-CTT	122	111	90.1
E-AAG/M-CAT	145	138	95.2
E-AAG/M-CTA	142	136	95.7
E-AAG/M-CTT	150	141	94.0
E-ACA/M-CTT	137	130	94.9
E-ACT/M-CTA	129	119	92.2
总计 Total	1098	1032	—
平均 Average	137.3	129	94.0

## 2.4 杧果种质间的遗传相似系数及聚类分析

根据 POPGENE 分析,57 份杧果种质两两间的遗传相似系数在 0.55 ~ 0.82 之间。从分子水平上来说,遗传相似系数与遗传多样性有一定的关联,相似系数的范围越大,一定程度上表明物种的遗传多样性越丰富。芒苍 2 号和芒苍 4 号之间的相似系数值最大,为 0.8210,遗传距离系数仅为 0.1790,说明两者间的亲缘关系最近;丙闷 11 号和芒海 5 号之

的相似性系数值最小,为 0.3850,遗传距离系数最大,均为 0.6350,说明它们之间的亲缘关系在所有供试材料中最远。

基于遗传相似系数,对 57 份杧果种质进行 UP-GMA 聚类分析(图 3),并对其聚类结果进行归纳。从图 3 可以看出,57 份杧果种质的遗传相似系数在 0.55 ~ 0.82 之间。以相似系数 0.57 为临界值,全部材料可分为 2 大类。

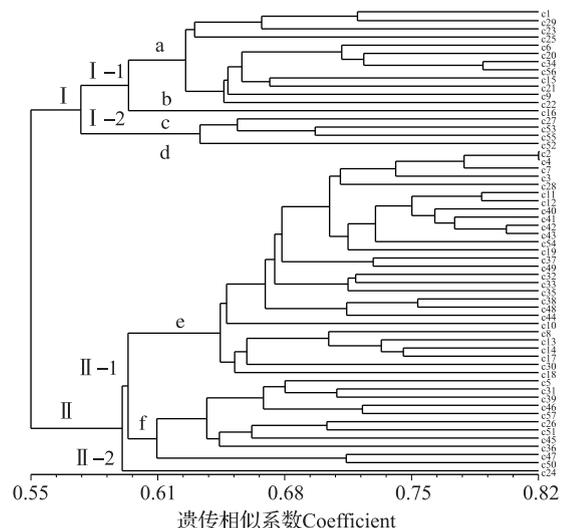


图3 基于 AFLP 标记的聚类分析

Fig. 3 Dendrogram by cluster analysis based on AFLP markers

类群 I 共 17 个个体,可分为 2 个亚类,第 I-1 亚类在相似系数为 0.60 处有 2 个分支,a 分支有 12 个个体,主要来源于芒海、芒苍、坝湾、赧浒 4 个地区;b 分支只有 1 个个体,即 c16(芒海 5 号)。第 I-2 亚类仅 4 个个体,c 分支包括 3 个个体,分别为 c27(坝湾 4 号)、c53(赧浒 7 号)和 c55(赧浒 9 号);c52(赧浒 6 号)则单独聚为 d 分支。

类群 II 共 40 个个体,可分为 2 个亚类,第 II-1 亚类包括 39 个个体,在相似系数为 0.63 的水平处,分为 2 个分支,e 分支的个体来源于芒海、芒苍、坝湾、丙闷、赧浒 5 个地区,品数较多,较混杂,存在不同地区个体聚为一组的情况,c2(芒苍 2 号)和 c4(芒苍 4 号)之间的相似系数数值为供试材料中最大。f 分支的个体来源于芒苍、坝湾、丙闷、赧浒 4 个地区。c24(坝湾 1 号)则单独聚为 II-2 个亚类。

表型聚类结果与分子聚类结果部分吻合,可见表型聚类能准确揭示供试材料间在形态上的差异,这对研究不同材料在育种上的优势组合具有一定的参考价值;但是两者之间也有区别:表型差异并不能直接反映个体之间的亲缘关系,差异大的个体间亲缘关系并不一定远。

从 AFLP 标记的结果来看,大部分杧果种质没有按照来源地聚类,如类群 I 中 a 分支的 12 个个体,分别来自芒海、芒苍、坝湾、赧浒 4 个地区;类群 II 中的 e 分支也同样包括了不同地区内的个体。表明怒江干热河谷杧果种质的聚类结果与地理分布没有明显联系:来自同一区域的种质并不总是聚在一起,不同区域的杧果品种(种质)也没有明显的界限,不同地区的杧果种质也有聚在一起的情况。

## 2.5 AFLP 标记主成分分析

基于 AFLP 相似性系数,利用 NTSYS 2.10e 软件对 57 份种质进行主成分分析,根据第一、第二主成分进行作图,形成杧果种质的位置分布图(图 4),从图可以直观地看出,大部分同一地区的材料并没有聚在一起,而有些来自不同地区的材料聚在一起。图中位置相距较远的材料表示关系较远,互相之间并不聚在一起,有些个体单独归为一类,而位置靠近的材料关系较近而归为一类。这与聚类分析的结果相一致。

## 3 讨论

在种质资源研究中,利用农艺性状的鉴定和描

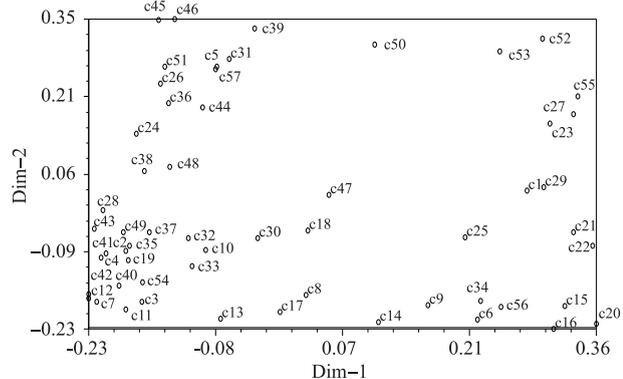


图 4 基于 AFLP 标记的主成分分析

Fig. 4 Principal component analysis based on AFLP marker

述仍然是种质资源研究的最基本的方法和途径,并且不可缺少,其更为直观、更能突出作物的地域特性<sup>[15]</sup>。本研究利用杧果果实的主要表型性状结合 AFLP 分子标记技术,研究了 57 份怒江干热河谷的杧果种质资源,结果表明,57 份杧果种质在形态学水平和 DNA 分子水平上均具有较丰富的遗传多样性。本研究中表型性状数据的聚类结果与主成分分析结果、AFLP 标记聚类结果并不完全一致,既有重叠,又有不同。这是因为表型性状的变异并非完全由基因的差异所致,环境饰变也有很大的影响。表型分析能直观地将具有明显遗传差异的个体区分开来,而分子标记技术不受外界环境的影响,可以更精确、稳定地鉴定材料之间的异同,能更准确地反映杧果种质的地理起源及遗传多样性等<sup>[16]</sup>。结合表型性状及 AFLP 分子标记技术,能快速地筛选出优异的种质资源,为育种提供优良的材料。

从地理距离与遗传距离两者之间的关系来看,许多研究都表明物种的遗传差异与地理分布具有相关性<sup>[17]</sup>。目前有不少关于杧果遗传多样性研究的报道<sup>[6,14,18-19]</sup>,研究结果均表明,杧果种质资源的遗传多样性,呈现一定的地理区域分化。也有报道<sup>[20-22]</sup>发现,物种的遗传差异与地理分布并不呈显著的相关性。本研究分子标记聚类分析结果显示,除了 c15(芒海 4 号)与 c21(芒海 10 号)、c14(芒海 3 号)与 c17(芒海 6 号)、c53(赧浒 7 号)与 c55(赧浒 9 号)、c47(赧浒 1 号)与 c50(赧浒 4 号)、c40(丙闷 6 号)与 c41(丙闷 7 号)、c42(丙闷 8 号)与 c43(丙闷 9 号)、c2(芒苍 2 号)与 c4(芒苍 4 号)、c32(坝湾 9 号)与 c33(坝湾 10 号)两两聚成一类外,大部分供试材料没有按照来源地聚类,聚类比较复杂,

如类群 I 第一亚类的第一分支、类群 II 第一亚类的两个分支,均是几个地区的种质聚在一起。这种情况可能与以下因素有关:一是人为育种的干预,种质在世代传播过程中由于人为的干预,不同种质间实现了种质资源的相互渗透,从而导致种质资源相近;二是各地区之间频繁的品种交换及材料引种,造成了同名异物或同物异名;也可能是由于地区间的引种交流导致某些基因在不同地区间漂移所致。其余的分支中,如 c16(芒海 5 号)、c52(赧浒 6 号)、c24(坝湾 1 号)分别单独聚为一个分支,可能是由于在演化过程中发生了变异,遗传变异较大;也可能是其本身为野生资源,与其他种质遗传关系较远而单独聚类。本研究的主成分分析结果也直观地显示出怒江干热河谷杧果种质的亲缘关系与地理分布并不呈显著的相关性,各个地区的种质散乱的分布于图上,有的种质单独聚为一体。总体来看,本研究供试材料的亲缘关系和遗传距离与地理分布没有明显的联系。这与前人对怒江干热河谷杧果种质分析的结果相类似<sup>[12]</sup>。说明了怒江干热河谷杧果种质遗传的多样性及亲缘关系的复杂性,也反映了不同地区杧果种质间广泛的交流性。

杧果作为一种重要的经济作物主要分布于热带亚热带地区。在云南西双版纳、江城县和广西十万大山、百色那坡县陆续发现了丰富的野生杧果资源<sup>[23-24]</sup>。云南怒江干热河谷杧果种质资源数量多、分布广、类型丰富,是全国难能可贵的杧果种质资源区。对这些杧果资源种类、数量、分布、遗传背景等进行深入研究,将有利于探索杧果的亲缘关系及其演化。本研究仅选取了怒江干热河谷 5 个区域的杧果种质进行表型及 AFLP 分析,在一定程度上有效地揭示了怒江干热河谷杧果种质资源的遗传多样性。为了广泛发掘怒江干热河谷杧果种质资源,为育种提供丰富的材料,后续工作将进一步深入开展,一方面调查、搜集不同种质的植物学性状、分布环境;另一方面补充新材料,取样范围覆盖整个怒江干热河谷。对整个怒江干热河谷的杧果种质资源进行全面深入的研究和分析,揭示怒江干热河谷的杧果种质资源的遗传关系,为杧果选育及资源发掘提供理论参考。

## 参考文献

- [1] 尼章光,张林辉,罗心平,等.怒江低热河谷芒果种质资源调查与分析[J].西南农业学报,2008,21(2):436-439
- [2] 张静,张鲁刚.芥蓝种质资源的多样性和聚类分析[J].西北农业学报,2008,17(4):285-289
- [3] Eiadthong W, Yonewori K, Kanzaki S, et al. Amplified fragment length polymorphism analysis for studying genetic relationships among *Mangifera* species in Thailand[J]. J Am Soc Horticult Sci, 2000, 125(2):160-164
- [4] Yamanaka N, Hasran M, Xu D H, et al. Genetic relationship and diversity of four *Mangifera* species revealed, through AFLP analysis[J]. Genet Resour Crop Ev, 2006, 53:949-954
- [5] 雷新涛,王家保,徐雪荣,等.杧果主要品种遗传多态性的 AFLP 标记研究[J].园艺学报,2006,33(4):725-730
- [6] 王家保,王令霞,杜中军,等.部分芒果品种亲缘关系的 ISSR 分析[J].园艺学报,2007,34(1):87-92
- [7] 石胜友,武红霞,王松标,等.杧果种质遗传多样性的表型分析和 AFLP 分析[J].园艺学报,2011,38(3):449-456
- [8] 房经贵,乔玉山. AFLP 在芒果品种鉴定中的应用[J].广西植物,2001,21(3):281-283,286
- [9] 李国鹏,张林辉,解德宏,等.怒江干热河谷芒果种质资源主成分分析[J].贵州农业科学,2010,38(11):29-30
- [10] 李国鹏,张林辉,解德宏,等.怒江干热河谷芒果种质资源果实性状相关性 & 多样性分析[J].西南农业学报,2010,23(4):1225-1229
- [11] 尼章光,张林辉,解德宏.怒江流域杧果种质资源主要数量性状变异及概率分级[J].果树学报,2009,26(4):492-497
- [12] 罗心平,尼章光,刘成明,等.怒江流域芒果种质资源 AFLP 分析[J/OL]. [2008-11-03] (2013-09-01) [http://www. paper. edu. cn/releasepaper/content/200811-37](http://www.paper.edu.cn/releasepaper/content/200811-37)
- [13] 陈业渊.热带、南亚热带果树种质资源描述规范[M].北京:中国农业出版社,2005:73-84
- [14] 雷新涛,姚全胜,徐雪荣,等.中国野生芒果种质资源及其 AFLP 分子标记[J].热带作物学报,2009,30(10):1408-1412
- [15] 孙亚东,梁燕,吴江敏,等.番茄种质资源的遗传多样性和聚类分析[J].西北农业学报,2009,18(5):297-301
- [16] 耿立格,王丽娜,张磊,等.河北省绿豆子叶黑豆种质资源表现型和 ISSR 标记遗传多样性分析[J].植物遗传资源学报,2010,11(3):266-270
- [17] Li Q, Xiao M M, Guo L, et al. Genetic diversity and genetic structure of endangered species *Trillium tshonoskii* [J]. Biochem Genet, 2005, 43:445-457
- [18] 王静毅,王家保,武耀廷,等.广西主要芒果资源遗传关系的 SSR 分析[J].热带作物学报,2009,30(9):1301-1307
- [19] 黄丽芳,闫林,范睿,等.芒果实生资源遗传多样性的 SSR 分析[J].热带作物学报,2011,32(10):1828-1832
- [20] Fischer M, Husi R, Prati D, et al. RAPD variation among and within small and large population of the rare clonal plant *Ranunculus reptans* (*Ranunculaceae*) [J]. Am J Bot, 2000, 87(8):1128-1137
- [21] 于萍,李丽,侯丽媛,等.太湖粳稻同名地方品种的遗传差异[J].植物遗传资源学报,2010,11(5):535-539
- [22] 关萍,石建明,陈放.不同分布区天麻的 AFLP 分析[J].植物遗传资源学报,2013,14(1):70-77
- [23] 郑勉,闵天禄.中国植物志(漆树科)[M].北京:科学出版社,1980:74-78
- [24] 甘家生.罕见的千年野生芒果树[J].云南林业,2005,26(3):28