

新疆东天山地区宽刺蔷薇居群表型多样性分析

杨树华, 郭宁, 葛维亚, 杨爽, 刘新艳, 贾瑞冬, 葛红

(中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

摘要: 对新疆东天山地区 6 个宽刺蔷薇 (*Rosa platyacantha*) 居群进行叶片、花序、果实、种子等 11 个表型性状的遗传多样性分析, 结果表明: 宽刺蔷薇各表型性状无论在居群间还是在居群内均表现出显著或极显著差异, 存在丰富的表型多样性。6 个居群 11 个性状的平均表型分化系数为 27.50%, 表明居群内多样性较居群间多样性更为丰富。各表型性状平均变异系数为 16.51%, 离散程度相对较低。对表型性状进行的变异系数多重比较和主成分分析均显示, 果实相关性状的变异是造成宽刺蔷薇表型变异的主要来源。性状相关性分析进一步发现, 生殖生长与前期的营养生长并无明显相关关系。聚类分析结果表明, 6 个宽刺蔷薇居群的表型性状并没有严格依地理距离聚类, 而是受到遗传因素与环境条件特别是海拔高度因子的共同影响。

关键词: 宽刺蔷薇; 居群; 表型多样性; 新疆

Phenotypic Diversity of *Rosa platyacantha* Populations in Eastern Tianshan Mountains of Xinjiang

YANG Shu-hua, GUO Ning, GE Wei-ya, YANG Shuang, LIU Xin-yan, JIA Rui-dong, GE Hong

(Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract: The phenotypic diversity of 6 populations of *Rosa platyacantha* in eastern tianshan mountains of xinjiang were analyzed based on 11 phenotypic traits from leaves, flowers, fruits, and seeds. The results showed there were significant differences in phenotypic traits both among and within populations. The mean phenotypic differentiation coefficient (V_{ST}) of 11 morphological traits among populations was 27.50%, indicating a more abundant phenotypic diversity within populations than among populations. The average variation coefficient (CV) of phenotype traits with 16.51% showed there was relatively lower variation of phenotypic traits in the populations. Both the Duncan's test of CV and the principal component analysis of phenotypic traits indicated the traits involving fruits and seeds were the main factors account for phenotypic variations. Correlation analysis further showed there was no significant correlation between vegetative and productive traits. The cluster analysis showed six populations were not clustered according to geographic distances but due to the interaction of genetic variation and environmental factors, especially altitude here.

Key words: *Rosa platyacantha*; population; phenotypic diversity; xinjiang

新疆维吾尔自治区属典型温带大陆性干旱气候, “三山夹两盆”的特殊地形, 造就了当地生态环境与植被类型的复杂多样。根据最新《Flora of China》^[1]的修订, 新疆地区分布蔷薇野生种 10 个, 多数为我国特有, 具抗逆性强的特点, 是月季育种的优良种质资源。自 20 世纪 70 年代以来, 美国和我国

育种家们分别利用新疆的疏花蔷薇 (*R. laxa*)、弯刺蔷薇 (*R. beggeriana*) 与现代月季品种杂交, 获得了众多抗寒与抗病性强的新品种^[2-4]。马燕等^[5-7]、李庆典等^[8]分别对疏花蔷薇的染色体、花粉形态、抗寒性以及果实营养成分等进行了深入研究。新疆野生蔷薇的相关应用与研究, 为通过远缘杂交扩展

收稿日期: 2012-08-25 修回日期: 2012-11-26 网络出版日期: 2013-04-17

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20130417.1134.002.html>

基金项目: 国家自然科学基金项目(30900993); 国家“863”计划课题(2011AA100208); International Foundation for Science(D/4541-1)

作者简介: 杨树华, 助理研究员, 研究方向: 花卉种质资源、生理与遗传育种。E-mail: yangsh@caas.net.cn

通信作者: 葛红, 研究员, 研究方向: 花卉组织培养、种质资源与遗传育种。E-mail: gehong@mail.caas.net.cn

现有月季品种体系的遗传背景,获取新的品种类群提供了良好的示范。宽刺蔷薇(*R. platyacantha*)因枝具有宽而坚硬的刺而得名,主要分布于天山山脉海拔1000~2000 m之间的山麓草原或林缘的干旱山坡、荒地,常与小檗等植物组成混生灌丛,其花色金黄,从春季至夏秋连续开花,果实暗红色,观赏效果俱佳,是一个极具开发潜力的野生观赏资源^[9]。

表型多样性是遗传多样性与环境多样性的综合体现,研究居群在其分布区域内各种环境下的表型变异,是了解遗传变异的重要线索,也是生物多样性的重要内容^[10]。由于地理、地形因子造成的环境异质性,物种分布区域内的居群之间往往会在表型性状上产生一定的变异,这些表型变异具有适应和进化上的意义,既是揭示生物类群适应性的有效途径,也是人工驯化和遗传育种研究的基础^[11]。郭宁等^[12]对分布于新疆天山山脉地区的6个疏花蔷薇居群进行了13个表型性状的测定与分析,结果表明疏花蔷薇具有较高的表型多样性,而且居群间与居群内的表型变异程度基本相当。但是迄今为止,有

表1 新疆东天山地区6个宽刺蔷薇居群的采样地点、生境与海拔情况

Table 1 The sampling locality, habitat, and altitude of six populations of *R. platyacantha* in eastern tianshan mountains of xinjiang

居群 Population	样本数 No. of sample	样品采集点 Sample locality	生境 Habitat	海拔(m) Altitude
P1	30	吉木萨尔县大有乡 Dayou town, Jimusaer county	小山坡灌丛 Hillside with shrubs	1170
P2	30	奇台县半截沟乡 Banjiogou town, Qitai county	农田旁 Farmland side	1370
P3	30	乌鲁木齐市白杨沟乡 Baiyanggou town, Urumqi county	水渠旁灌丛 Canal side with shrubs	1580
P4	30	奇台县半截沟乡 Banjiogou town, Qitai county	山谷灌丛 Valley with shrubs	1650
P5	30	巴里坤县城南郊 South suburb, Barkol county	山腰灌丛 Mountainside with shrubs	1850
P6	30	阜康天池风景区 Tianchi, Fukang	湖边灌丛 Lake side with shrubs	1920

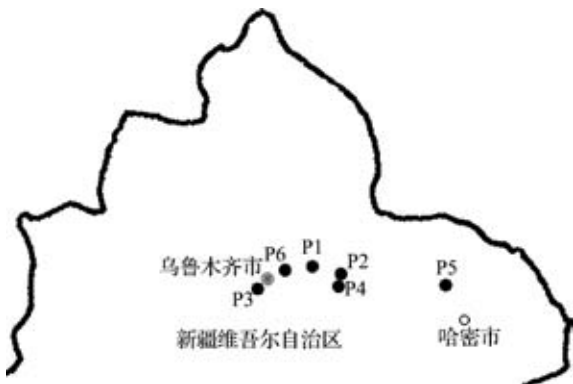


图1 新疆东天山地区6个宽刺蔷薇居群的地理分布图

Fig. 1 The geographic distributions of six populations of *R. platyacantha* in eastern tianshan mountains of xinjiang

关宽刺蔷薇居群遗传多样性的研究尚未见报道。本研究以新疆东天山地区6个宽刺蔷薇居群为对象,进行表型性状调查与分析,探讨该地区宽刺蔷薇表型变异及遗传多样性研究,为野生蔷薇资源保护与引种驯化提供依据。

1 材料与方法

1.1 居群选择与材料采集

在新疆东天山地区发现并选取了6个不同海拔高度、植株分布集中、地理位置相对隔离的宽刺蔷薇天然居群进行表型多样性分析(表1、图1)。各居群基本覆盖了整个东天山山脉,山脉中段海拔较低、气候干旱,无宽刺蔷薇分布,造成位于巴里坤县城南郊居群距离其他5个居群相对较远。在选定的各居群内随机选择30株生长正常、无严重缺陷、无明显病虫害的植株,株(丛)间水平距离5倍株高以上,海拔高度相差5 m以上,既保证取样均匀性,又最大限度地降低了样本植株间的亲缘关系。选定居群的每个采样植株都采用GPS定位,并挂牌标记以便于跟踪调查。

1.2 表型性状的选取及测定方法

选择具有代表性、遗传相对稳定、易于获得和测定的表型性状,包括复叶长、小叶长、小叶宽、小叶长宽比、花梗长、花直径、果长、果宽、果实长宽比、单果种子数、种子千粒重,共计11个性状。由于蔷薇果实是聚合果,种子实际上为瘦果。所有叶部形状(复叶长、小叶长、小叶宽、小叶长宽比)的测量均选取当年生枝条顶端下第4、5片健壮无病虫害复叶,野外应用游标卡尺测量,精度0.1 mm。花直径于7月盛花时期野外随机选取单花测量,精度0.1 mm。果实采集于10月成熟期,并带回室内测定果实长宽、单果种子数等,种子千粒重应用电子天平称量,采用GB/T 3543.7-1995的百粒法,随机抽取100

粒种子称重,10次重复,取平均值换算成千粒重。除了种子千粒重外,其余性状每个植株均进行5次重复。

1.3 表型多样性参数及统计分析方法

参照李斌等^[13]的方法,应用 SAS 8.2 软件对各表型性状进行方差分析。其中种子千粒重应用单因素方差分析,其余表型性状均应用巢式方差分析,线性模型为: $Y_{ijk} = \mu + S_i + T_{(ij)k} + e_{(ij)k}$; 式中 Y_{ijk} 为第 i 个居群第 j 个单株第 k 个观测值; μ 为总均值; S_i 为居群效应(固定); $T_{(ij)k}$ 为居群内单株效应(随机); $e_{(ij)k}$ 为试验误差。

参照葛颂等^[14]的方法,进行表型分化系数计算。计算公式: $V_{ST}(\%) = [(\delta_{2L/s}) / (\delta_{2L/s} + \delta_{2s})] \times 100$; 式中 $\delta_{2L/s}$ 为居群间方差分量, δ_{2s} 为居群内方差分量, V_{ST} 为表型分化系数,表示居群间变异占遗传总变异的百分比,与基因分化系数 G_{ST} 相对应,反应居群间的表型分化状况。

表型特征变异系数(CV)表示表型性状的离散程度,反映表型的变异特征^[14]。应用 Excel 计算各性状的平均值、标准差和变异系数,然后对各表型性

状的变异系数进行正弦变换,分别进行居群间和表型性状间的差异性检验和多重比较分析。

应用 SAS 8.2 软件对表型性状进行主成分分析,确定造成表型差异的主要因素。对表型性状数据进行正态分布检验,符合正态分布的进行 Pearson 相关分析及双侧显著性检验。

居群表型性状聚类分析采用欧氏距离,应用软件 NTSYS 2.11a,利用非加权配对算数平均法(UP-GMA, unweighted par-group method with arithmetic means)进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 宽刺蔷薇表型性状在居群间和居群内的差异

种子千粒重应用单因素方差进行分析,结果表明该性状在居群间具有极显著差异($P < 0.01$);其余10个表型性状均采用巢式设计方差分析,结果显示花梗长只在居群间为显著差异($P < 0.05$),其余性状在居群间和居群内不同植株间均具有极显著差异($P < 0.01$),表明宽刺蔷薇表型性状在居群间和居群内均存在广泛的差异(表2)。

表2 宽刺蔷薇居群表型性状巢氏方差分析结果

Table 2 Nested ANOVA analysis of phenotype traits of *R. platyacantha* populations

表型性状 Phenotype traits	居群 Population						平均值 Average	居群间	居群内
	P1	P2	P3	P4	P5	P6		F 值 F values among populations	F 值 F values within populations
复叶长 LCL(cm)	5.27 ± 0.70b	5.16 ± 0.72b	5.13 ± 0.48b	5.15 ± 0.57b	5.92 ± 0.68a	4.50 ± 0.64c	5.19	15.32 **	4.60 **
小叶长 LL(cm)	1.48 ± 0.23c	1.46 ± 0.23c	1.49 ± 0.15c	1.56 ± 0.19b	1.75 ± 0.21a	1.31 ± 0.26d	1.50	13.33 **	3.65 **
小叶宽 WL(cm)	1.03 ± 0.15bc	0.99 ± 0.16c	1.07 ± 0.15b	1.07 ± 0.10b	1.15 ± 0.23a	0.99 ± 0.14c	1.05	4.61 **	3.42 **
小叶长宽比 RLLW	1.45 ± 0.17bc	1.49 ± 0.16b	1.41 ± 0.15cd	1.46 ± 0.14bc	1.57 ± 0.16a	1.35 ± 0.29d	1.46	4.75 **	2.19 **
花梗长 LP(cm)	1.87 ± 0.48b	2.03 ± 0.55a	1.86 ± 0.52b	1.72 ± 0.33b	2.16 ± 0.55a	1.85 ± 0.49b	1.91	2.98 *	6.55 **
花直径 DF(cm)	4.41 ± 0.39c	4.76 ± 0.46b	4.74 ± 0.70b	4.95 ± 0.46a	4.83 ± 0.50ab	4.54 ± 0.48c	4.70	4.53 **	4.86 **
果长 LF(cm)	1.00 ± 0.16c	1.06 ± 0.11b	1.00 ± 0.08c	1.06 ± 0.09b	1.22 ± 0.09a	1.02 ± 0.08c	1.06	19.67 **	7.24 **
果宽 WF(cm)	1.00 ± 0.12cd	1.09 ± 0.27b	0.95 ± 0.09d	1.03 ± 0.10bc	1.26 ± 0.09a	1.06 ± 0.09bc	1.06	17.38 **	1.71 **
果实长宽比 RLFW	1.00 ± 0.13cd	1.02 ± 0.09bc	1.07 ± 0.09a	1.03 ± 0.11b	0.98 ± 0.09de	0.97 ± 0.08e	1.01	3.85 **	5.12 **
单果种子数 NSF	11.71 ± 5.33cd	12.97 ± 5.98bc	10.57 ± 3.16d	13.49 ± 4.90b	20.62 ± 6.61a	12.87 ± 4.67bc	13.70	14.34 **	4.74 **
种子千粒重 WTS(g)	14.42 ± 3.42c	16.74 ± 3.12b	15.08 ± 3.74bc	16.64 ± 3.02b	19.44 ± 5.53a	15.77 ± 3.65bc	16.35	7.17 **	-

a、b、c、d、e 为 Duncan grouping 表示值,字母相同者为相互间差异不显著。**表示极显著差异($P < 0.01$),*表示显著差异($P < 0.05$),下同
The letters a, b, c, d, and e represent Duncan grouping value and the difference among populations with same letter is not significant. ** means significance at the 0.01 probability level and * means significance at the 0.05 probability level, the same as below

LCL: Length of compound leaf, LL: Length of leaflet, WL: Width of leaflet, RLLW: Ratio of leaflet length-width, LP: Length of peduncle, DF: Diameter of flower, LF: Length of fruit, WF: Width of fruit, RLFW: Ratio of fruit length-width, NSF: Numbers of seeds per fruit, WTS: Weights of thousands seeds, the same as below

F 值的大小表现了结果可靠性的高低,在一定程度上也反映了不同表型性状在居群内和居群间差异程度的不同^[7]。居群间不同性状的 F 值大小不同,由大到小依次为果长、果宽、复叶长、单果种子数、小叶长、种子千粒重、小叶长宽比、小叶宽、花直径、果实长宽比和花梗长;居群内不同性状 F 值大小则依次为果长、花梗长、果实长宽比、花直径、单果种子数、复叶长、小叶长、小叶宽、小叶长宽比和果宽。

2.2 宽刺蔷薇天然居群的表型分化

按巢氏设计方差分量组成比,进一步分析各方差分量占总变异的比例(表3)。10个表型性状在居群间和居群内的平均方差分量百分比分别为12.34%和33.07%,即居群内方差分量大于居群间

方差分量,表明宽刺蔷薇居群内部的分化程度大于居群之间的分化程度。

用居群间方差分量占遗传总变异(居群间和居群内方差分量之和)的百分比表示居群间的分化幅度,宽刺蔷薇10个表型性状 V_{ST} 为7.21%~57.89%(表3)。 V_{ST} 最大的性状为果宽和果长,表明果实相关性状在居群间分化最大; V_{ST} 最小的为花梗长,说明这一性状在不同居群间分化差异最小。10个性状的平均 V_{ST} 为27.50%,即宽刺蔷薇居群表型变异在居群间和居群内的贡献分别为27.50%和72.50%,表明居群内的变异是宽刺蔷薇居群表型变异的主要来源,居群内的表型多样性程度大于居群间表型多样性程度。

表3 宽刺蔷薇居群表型性状的方差分量与居群间表型分化系数

Table 3 Variance component and phenotype differentiation coefficient (V_{ST}) of morphological traits among and within population of *R. platyacantha*

性状 Traits	方差分量 Variance component			方差分量百分比(%) Percentage of variance portion		表型分化系数(%) Phenotype of differentiation coefficient
	居群间 Among populations	居群内 Within populations	机误 Errors	居群间 Among populations	居群内 Within populations	
叶长	0.192	0.314	0.436	20.34	33.35	37.94
小叶长	0.019	0.034	0.064	16.41	28.99	35.85
小叶宽	0.003	0.017	0.036	5.25	30.88	15.00
小叶长宽比	0.004	0.019	0.079	4.23	18.35	17.39
花梗长	0.016	0.206	0.185	3.94	50.55	7.21
花直径	0.030	0.205	0.265	6.06	40.92	12.77
果长	0.007	0.009	0.007	28.61	39.62	43.75
果宽	0.011	0.008	0.057	14.07	10.74	57.89
果实长宽比	0.001	0.008	0.009	5.07	42.89	11.11
单果种子数	11.712	20.755	27.776	19.44	34.45	36.07
平均 Average				12.34	33.07	27.50

2.3 宽刺蔷薇的表型变异特征

变异系数表示表型性状的离散性特征,宽刺蔷薇表型性状在不同居群内的变异幅度存在差异,在同一居群内不同个体之间的变异程度也不尽相同(表4)。在所分析的11个表型性状中,平均变异系数最大的是单果种子数(37.71%),表明单果种子数这一性状在居群内部的变异幅度大;平均变异系数最小的为果长(9.78%),表明该性状在各居群内变异幅度小,稳定性最高。在6个居群中,11个表型性状变异系数平均值的变化范围为14.09%~

18.34%,进一步表明各居群间的表型变异幅度不大。

以11个表型性状的变异系数进行居群间差异性检验,结果显示变异系数在居群间不存在显著差异(表4),即虽然各居群的内部环境变化各不相同,但是表型性状的离散程度没有很大差别。以6个居群的变异系数进行不同性状间差异性检验,结果显示变异系数在表型性状间存在极显著差异(表4),这说明表型性状之间的变异程度存在显著差别,体现了不同表型性状对环境适应能力的不同。

表 4 宽刺蔷薇天然居群的表型性状变异系数以及居群间和性状间变异系数多重比较

Table 4 Variation coefficient of phenotype traits in the populations and its Duncan's test of CV among populations and phenotype traits of *R. platyacantha* (%)

表型性状 Phenotype traits	居群 Populations						平均 Average	多重比较 Duncan's
	P1	P2	P3	P4	P5	P6		
叶长	13.22	13.93	9.31	11.05	11.49	14.21	12.20	CD
小叶长	15.90	15.93	10.21	12.01	12.10	20.10	14.38	C
小叶宽	14.52	15.73	13.76	9.54	19.72	13.92	14.53	C
小叶长宽比	11.82	10.55	10.90	9.82	10.10	21.44	12.44	CD
花梗长	25.97	27.11	27.75	19.29	25.66	26.43	25.37	B
花直径	8.79	9.75	14.79	9.29	10.35	10.55	10.59	CD
果长	15.57	10.31	8.02	8.96	7.64	8.22	9.78	D
果宽	11.60	24.52	9.07	9.48	7.52	8.46	11.77	CD
果实长宽比	12.96	9.07	8.88	11.03	9.14	8.71	9.96	CD
单果种子数	45.56	46.14	29.87	36.33	32.05	36.32	37.71	A
种子千粒重	23.70	18.65	24.83	18.15	28.46	23.14	22.82	B
平均 Average	18.15	18.34	15.22	14.09	15.84	17.41	16.51	
多重比较 Duncan's	A	A	A	A	A	A	A	

A、B、C、D 为 Duncan grouping 表示值,其中字母相同者为相互间差异不显著

The letters A, B, C, and D represent Duncan grouping value and the difference among populations with same letter is not significant

2.4 宽刺蔷薇表型性状的主成分分析

对宽刺蔷薇表型性状进行主成分分析,结果表明在 11 个表型性状中第 1 主成分积累贡献率达 97.19%,足以保留原始因子中所代表的绝大部分信息,前 4 个主成分积累贡献率高达 99.99%,基本可以保留原始因子中所代表的全部信息(表 5)。第 1 主成分的贡献率最高,其中起决定性作用的表型性状是单果种子数(0.897826),其次为种子千粒重,这说明第 1 主成分主要反映了种子性状的特征。在

第 2 主成分中起决定作用的表型性状仍然为种子千粒重,在第 3、4 主成分中起决定作用的分别为复叶长和花梗长,但是 3、4 主成分的贡献率小,对整体影响不大。单果种子数和种子千粒重这 2 个代表种子特征的表型性状在种群间和种群内均差异显著,并且单果种子数的表型分化系数和变异系数都很大,在居群间的分化和居群内离散程度大。因此,宽刺蔷薇居群的种子性状分化是造成宽刺蔷薇表型差异的主要因素。

表 5 前 4 个主成分因子载荷量及特征值

Table 5 Component score coefficient and eigenvalue of per ingredient

性状 Traits	主成分 1 Principal component 1	主成分 2 Principal component 2	主成分 3 Principal component 3	主成分 4 Principal component 4
复叶长	0.081786	-0.119880	0.927415	0.093870
小叶长	0.028287	-0.008490	0.254343	-0.214270
小叶宽	0.010620	-0.012500	0.085919	-0.181280
小叶长宽比	0.014542	0.006904	0.120638	0.077891
花梗长	0.028299	-0.008820	0.082586	0.729940
花直径	0.022388	0.263504	0.161396	-0.560470
果长	0.021249	0.012335	0.024924	0.023149
果宽	0.026134	0.000174	-0.036330	0.158755
果实长宽比	-0.004840	0.027395	0.069008	-0.068240
单果种子数	0.897826	-0.408120	-0.113980	-0.085730
种子千粒重	0.428526	0.865088	0.026665	0.147177
特征值 Eigenvalue	15.54	0.316	0.112	0.0015
贡献率(%) Proportion	97.19	1.97	0.70	0.12
累计贡献率(%) Cumulative	97.19	99.17	99.87	99.99

2.5 宽刺蔷薇表型性状的相关性分析

由表 6 可知,复叶长与小叶长呈极显著正相关,与小叶宽呈显著正相关;小叶长与小叶宽呈极显著正相关,与果长呈显著正相关;果长与果宽之间呈极显著正相关,两者均与单果种子数、种子千粒重呈极

显著正相关;单果种子数与种子千粒重之间呈极显著正相关。上述结果表明,除了小叶长与果长之间呈显著正相关之外,叶片各性状之间、果实各性状之间分别表现出显著或极显著正相关性,即宽刺蔷薇的营养生长与前期的生殖生长之间相互作用关系不明显。

表 6 宽刺蔷薇表型性状间的 Pearson 相关分析

Table 6 Pearson correlation analysis of phenotypic traits of *R. platyacantha*

性状 Traits	复叶长	小叶长	小叶宽	花梗长	花直径	果长	果宽	单果种子数
小叶长	0.956 **							
小叶宽	0.821 *	0.919 **						
花梗长	0.649	0.525	0.369					
花直径	0.377	0.568	0.512	0.074				
果长	0.764	0.826 *	0.731	0.742	0.516			
果宽	0.612	0.635	0.511	0.806	0.314	0.950 **		
单果种子数	0.709	0.773	0.705	0.715	0.397	0.984 **	0.964 **	
种子千粒重	0.643	0.739	0.636	0.688	0.635	0.973 **	0.931 **	0.941 **

2.6 宽刺蔷薇居群表型聚类分析

采用 UPGMA 法对宽刺蔷薇 6 个居群 11 个表型性状进行聚类分析,以欧氏距离 3.04 为阈值,将宽刺蔷薇分为 4 类(图 2)。乌鲁木齐市白杨沟乡(P3)居群和奇台县半截沟乡(P4)居群为第 I 类,虽然这 2 个居群的地理位置相隔相对较远,但是这 2 个居群中心位点的海拔高度分别为 1579 m 和 1647 m,非常接近;第 II 类为奇台县半截沟乡(P2)居群和吉木萨尔县大有乡(P1)居群,这 2 个居群的地形和环境条件较为相似,海拔高度也较为接近;第 III 类为阜康天池风景区(P6)居群,该居群海拔最高,位于天池沿岸,环境气候相对较为湿润;第 IV 类为巴里坤县城南郊(P5)居群,该居群位于天山山脉最东端,与其他居群地理位置相距较远,处于高海拔生长的云杉林带下缘草地,有较好的水分营养条件,生长状况较其他居群更好。宽刺蔷薇的表型性状聚类结果显示,除了地理距离较远的 P5 居群,其他 5 个居群按照海拔高度进行聚类,表明了宽刺蔷薇居群间表型变异的不连续性,体现了表型性状受遗传因素与环境条件特别是海拔因子的共同影响。

3 讨论

表型性状变异是对遗传多样性在形态水平上的阐述,反映了居群遗传因素与环境互作的复杂性及其适应环境压力的程度^[15]。宽刺蔷薇分布海拔范围广、生境类型多样,不同居群对于环境压力的适应能力是存在差异的,在形态上即表现为表型遗传多

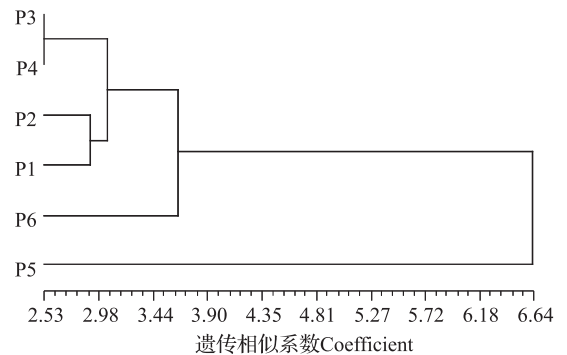


图 2 基于 11 个表型性状的新疆东天山地区宽刺蔷薇居群表型性状 UPGMA 聚类树形图

Fig. 2 UPGMA derived cluster dendrogram of *R. Platyacantha* basing on 11 phenotype traits in eastern tianshan mountains of xinjiang

样性。因此,进行宽刺蔷薇居群的表型多样性分析对于研究其遗传与环境互作,加强其保护与利用具有重要意义。

方差分析结果显示,新疆东天山地区 6 个宽刺蔷薇居群的各表型性状在居群间与居群内差异均达到显著或极显著水平,表明宽刺蔷薇在居群内和居群间均存在丰富的表型性状变异,表型遗传多样性较高。6 个居群 10 个表型性状的分化幅度为 7.21% ~ 57.89%,平均表型分化系数为 27.50%,远低于新疆疏花蔷薇和云南峨眉蔷薇(*R. omeiensis*)居群的平均表型分化系数(41.84% 和 73.55%)^[12,16]。这一结果表明,宽刺蔷薇居群内表型多样性大于居群间多样性,即相对于地理与生殖隔离而言,居群内部不同

植株之间的性状差异对宽刺蔷薇的表型变异影响更大。

宽刺蔷薇 11 个表型性状的变异系数的变异幅度为 9.78% ~ 37.71%, 与疏花蔷薇变异幅度 8.67% ~ 43.54% 基本相当^[12], 但远低于云南峨眉蔷薇的 12.76% ~ 97.68%^[16], 这说明新疆野生蔷薇居群的性状变化幅度远小于云南野生蔷薇居群。新疆野生蔷薇主要分布于天山山脉的林缘、草地、山坡或沟谷, 而云南峨眉蔷薇 9 个居群处于低纬度、高海拔的横断山脉地区, 地貌结构复杂, 热、水、土等条件的空间差异明显, 自然生态环境较新疆野生蔷薇居群更为复杂, 推测这可能是造成云南峨眉蔷薇的表型变异幅度更大的主要原因。对表型性状变异系数进行多重比较发现单果种子数、花梗长、种子千粒重为最显著变异性状, 主成分分析结果也证实单果种子数、种子千粒重对主成分累积贡献最大, 这些结果充分表明, 果实相关性状是宽刺蔷薇表型变异的主要来源。但是, 不同物种的遗传特性及其环境差异可能造成表型多样性的表达差异。例如陈璋^[17]对蔷薇科樱属植物山樱花(*Cerasus campanulata*)不同居群进行叶片和花部形态的主成分分析, 发现其表型变异主要来源于叶片相关性状; 郁香荷等^[18]对中国李种质资源的形态及农艺性状分析则表明, 前 3 个主成分主要体现了营养生长和果实品质特点。此外, 对宽刺蔷薇的表型性状进行相关性分析发现, 叶片(或果实)各性状之间均存在显著相关, 但是叶片性状和果实性状之间相关性基本上不显著。这一结果表明, 宽刺蔷薇的营养生长与生殖生长无明显相关性, 即植株营养期的生长势可能并没有直接影响后期的生殖生长。

周宁宁等^[16]对云南峨眉蔷薇居群表型性状聚类结果发现, 居群间的遗传距离关系与居群采种点的生态地理位关系基本上一致, 即表型性状较好地反映了遗传因素的影响。而对新疆疏花蔷薇^[12]和宽刺蔷薇居群的表型聚类结果均表明, 性状的表型特征没有完全依地理距离而聚类, 而是受到地理距离和环境因子的共同影响, 对于宽刺蔷薇居群而言, 则更多地受海拔高度因子的影响。

综上所述, 分布于新疆东天山地区宽刺蔷薇居群表现出了很高的表型多样性水平, 而且居群内多样性较居群间更为丰富, 即居群间的表型多样性差异相对较小, 表型变异存在于居群内。这既可能与新疆东天山地区相似的气候环境特点有关, 也可能与宽刺蔷薇各居群遗传变异较小有关, 深入开展分

子水平上的遗传多样性分析将有助于揭示这一点。对新疆疏花蔷薇^[12]和宽刺蔷薇的研究结果均表明, 果实相关性状是居群表型变异的主要来源, 相关性分析进一步发现宽刺蔷薇营养生长与生殖生长可能没有明显相关性。分析认为, 为了适应新疆恶劣的气候环境, 宽刺蔷薇采取的可能是优先生殖生长的策略。聚类分析证实宽刺蔷薇居群不完全依据地理距离分类, 而是受到遗传因素与环境条件, 特别是海拔高度因子的共同作用。因此, 在未来的野生资源利用过程中有必要考虑不同海拔对宽刺蔷薇引种驯化适应性的影响, 而利用分子标记进行遗传多样性分析也将有助于深入揭示宽刺蔷薇居群的遗传变异特点。

参考文献

- [1] Gu C Z, Robertson K R. *Rosa* (Rosaceae) [M]//Wu Z Y, Raven P H. Flora of China (Vol. 9). Beijing: Science Press & St. Louis: Missouri Botanical Garden Press, 2003: 339-381
- [2] Bryson S R, Buck G J. About our cover: 'Carefree Beauty' (*Bucbi*) rose [J]. HortScience, 1979, 14 (2): 98-196
- [3] 黄善武, 葛红. 弯刺蔷薇在月季抗寒育种上的研究利用初报 [J]. 园艺学报, 1989, 16(3): 237-240
- [4] 马燕, 陈俊愉. 培育刺玫月季新品种的初步研究(IV)—加速育种周期法的初探 [J]. 北京林业大学学报, 1993, 15 (2): 129-133
- [5] 马燕, 陈俊愉. 一些蔷薇属植物的花粉形态研究 [J]. 植物研究, 1991, 11 (3): 69-75
- [6] 马燕, 陈俊愉. 几种蔷薇属植物抗寒性指标的测定 [J]. 园艺学报, 1991, 18 (4): 351-356
- [7] 马燕, 陈俊愉. 中国蔷薇属 6 个种的染色体研究 [J]. 广西植物, 1992, 12 (4): 333-336
- [8] 李庆典, 李颖, 张彦海. 疏花蔷薇果实营养成分分析 [J]. 营养学报, 1993, 15 (3): 361-363
- [9] 马燕, 陈俊愉. 我国西北的蔷薇属种质资源 [J]. 中国园林, 1990, 6(1): 50-51
- [10] 阎爱民, 陈文新. 苜蓿、草木樨、锦鸡儿根瘤菌的表型多样性分析 [J]. 生物多样性, 1999, 7(2): 1-8
- [11] 陆景伟, 王赞, 严欢, 等. 内蒙古中部地区小叶锦鸡儿天然居群表型多样性分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(1): 77-80
- [12] 郭宁, 杨树华, 葛维亚, 等. 新疆天山山脉地区疏花蔷薇天然群体表型多样性分析 [J]. 园艺学报, 2011, 38(3): 495-520
- [13] 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
- [14] 葛颂, 王明麻, 陈岳武. 用同工酶研究马尾松群体的遗传结构 [J]. 林业科学, 1988, 24(11): 399-409
- [15] Baelier R, Ducouso A, Kremer A. Genetic morphological ecological and phonological differentiation between *Quercus petraea* (Matt.) Label. and *Quercus robur* L. in a mixed stand of north-west of France [J]. Silvae Genet, 1995, 44(1): 1-10
- [16] 周宁宁, 唐开学, 邱显钦, 等. 云南峨眉蔷薇天然群体的表型多样性 [J]. 西南农学报, 2009, 22(6): 1732-1736
- [17] 陈璋. 福建山樱花形态多样性分化的研究 [J]. 植物遗传资源学报, 2007, 8(4): 411-415
- [18] 郁香荷, 章秋平, 刘威生, 等. 中国李种质资源形态性状和农艺性状的遗传多样性分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(3): 402-407