

闽江流域野生蕉 (*Musa itinerans*) 遗传多样性和遗传结构的 ISSR 分析

赖瑞联, 薛辉康, 钟春水, 毛宇源, 谢析颖, 吕凯强, 张梓浩, 陈裕坤, 林玉玲, 赖钟雄

(福建农林大学园艺植物生物工程研究所, 福州 350002)

摘要: 采用 ISSR 分子标记技术对福建省闽江流域 10 个野生蕉自然居群的遗传多样性和遗传结构进行分析, 结果显示: 12 条 ISSR 引物共检测出 117 个条带, 105 个多态性条带, 多态性百分率为 89.7%; 野生蕉 Nei 遗传多样性指数为 0.244, Shannon's 信息指数为 0.381, 其中三明野生蕉遗传多样性水平最高, 且不同自然居群间遗传多样性指数之间具有显著性差异; 总遗传变异系数为 0.589, 基因流为 0.349, 居群间的遗传分化程度高于居群内; 基于遗传距离的聚类结果与模型聚类结果均聚为 3 大类, 分别为沙溪支流的三明野生蕉类群、闽江上游及附近支流的南平野生蕉类群和闽江下游的福州野生蕉类群。研究认为, 闽江流域野生蕉资源丰富的遗传多样性主要来源于自然居群间生境异质化所引起的高频率遗传变异, 且三明野生蕉类群的遗传多样性和遗传分化程度最高, 可能是福建野生蕉的起源中心, 也是野生蕉资源开发和利用的最主要群落。此外, 水流是闽江流域野生蕉遗传迁移最关键的天然主导因素。

关键词: 野生蕉; 闽江流域; ISSR; 遗传多样性; 遗传结构

Analysis of Genetic Diversity and Genetic Structure of the Wild Banana (*Musa itinerans*) in Minjiang Watershed by ISSR

LAI Rui-lian, XUE Hui-kang, ZHONG Chun-shui, MAO Yu-yuan, XIE Xi-ying,

LV Kai-qiang, ZHANG Zi-hao, CHEN Yu-kun, LIN Yu-ling, LAI Zhong-xiong

(Institute of Horticultural Biotechnology, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002)

Abstract: Genetic diversity and genetic structure of wild banana resources from watershed in Fujian province were examined by ISSR. The results showed that: 117 bands were amplified with 12 ISSR primers, polymorphic bands of which were 105, and their polymorphism percentage was 89.7%. The Nei's genetic distance was 0.244, the Shannon's information index was 0.381, the genetic diversity in different natural populations had significant difference and the Sanming wild banana was higher. The coefficient of gene differentiation was 0.589, gene flow was 0.349, the genetic differentiation among the populations was higher than that within the population. The clustering result based on Nei's genetic distance was the same as model-cluster-method, the banana resources were clustered into 3 groups, including Sanming wild banana group in Shaxi tributary, Nanping wild banana group in Minjiang upstream and nearby tributary, and Fuzhou wild banana group in Minjiang downstream group. The results indicated that the rich genetic diversity came from the high frequency of heritable variation among national populations that resulted from heterogeneous habitats in Minjiang watershed. The genetic diversity and genetic divergence of Sanming wild banana group was the highest, and it may be the original center of Fujian wild banana resources, which was also the most important community to utilize and protect. In addition, water was a key factor of genetic transfer in Minjiang watershed.

Key words: wild banana (*Musa itinerans*); Minjiang watershed; ISSR; genetic diversity; genetic structure

收稿日期: 2015-04-03 修回日期: 2015-05-25 网络出版日期: 2016-01-28

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20160128.1517.006.html>

基金项目: 国家香蕉产业技术体系专项 (CARS-32-11); 福建省农业科技平台 (2008 N2001)

第一作者研究方向为果树生物技术。E-mail: lair0618@163.com

通信作者: 赖钟雄, 研究方向为园艺植物生物技术及遗传育种。E-mail: laiz01@163.com

香蕉 (*Musa* spp.) 是芭蕉科 (Musaceae) 芭蕉属 (*Musa*) 多年生大型草本果树,也是热带亚热带地区重要经济作物。长期以来,香蕉栽培面临品种单一、抗病性差、自然灾害严重等问题,因此具有优良性状香蕉新品种的选育是香蕉产业发展的关键。野生蕉在长期自然进化过程中保留了大量优良基因,在抗寒、抗病和抗逆等方面均表现出良好抗性,为香蕉育种提供了重要的遗传资源。

遗传多样性和遗传结构研究是野生蕉保护和开发利用的前提。马来西亚、印度尼西亚和印度等东南亚地区普遍被认为是全球野生蕉遗传多样性中心,该地区野生蕉起源早,气候环境适宜且人为开发破坏较少,野生蕉遗传多样性丰富,长期地理隔离导致的低水平基因交流也使遗传距离进一步拉大^[1-3]。而一旦自然环境过度破坏,野生蕉授粉媒介减少,自花授粉与无性繁殖旺盛,有限的基因交流往往使得野生蕉遗传多样性越来越差,甚至濒临灭绝^[4]。此外,野生蕉遗传多样性研究也为不同地区野生蕉资源亲缘关系鉴定和准确命名提供了重要依据^[5-9]。

中国作为香蕉生产的北缘地带,通常也认为是西太平洋野生蕉多样性中心的边缘地区。研究发现,中国野生蕉在居群和物种水平上多具有较高的遗传多样性,与野生蕉起源中心相比,处于外缘的中国野生蕉可能包含有一些特异优良基因,具有重要的利用价值^[10-12]。而在海南等一些原生境适宜野生蕉无性繁殖的地区,野生蕉遗传多样性和遗传分化程度也往往较低,应注重对其保护^[13]。在福建省野生蕉资源的调查研究中,本研究所对各个地市的野生蕉种质资源进行了调查和收集,并相继开展福州、泉州和三明等地野生蕉的遗传多样性研究,初步为其保护利用提供了理论依据^[14-17]。必需特别指出的是,在我们之前的研究中,根据 Simmonds 和 Shepherd 的形态评分法将福建野生蕉归属于 AB 或 AA 类群,但已有一些研究认为这种分类方法在野生蕉分类中并不一定适用,福建野生蕉具有比较长的地下走茎,应该属于芭蕉属的近缘种阿宽蕉 (*Musa itinerans*)^[18-20]。此外,赖钟雄等^[18-19]研究发现,福建不同地区野生蕉的生物学特征存在显著差异,而这种表观性状差异是否由遗传差异导致尚未见报道。在野生蕉的其他研究中,刘伟良等^[21-22]认为野生蕉属于湿生或者半湿生植物,其生长过程受水分制约,赖恭梯等^[16]也认为水流是野生蕉自然居群形成和迁移的重要影响因素,而水对野生蕉遗传多样

性的影响、水流上中下游不同地区野生蕉是否存在遗传差异等仍少有研究。鉴于此,本试验以分别处于闽江流域上中下游三明、南平和福州境内 10 个自然居群的 349 份野生蕉样品进行 ISSR 分析,并结合 Popgene 32 和 STRUCTURE 2.2 等进行遗传多样性和遗传结构分析,以进一步阐明水流在野生蕉遗传信息迁移中的作用,并揭示福建省不同地区野生蕉之间的遗传差异和亲缘关系,同时初步探索福建野生蕉的起源中心,为福建野生蕉资源的保护和开发利用进一步提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

本研究所于 2014 年 3-7 月对福建省闽江流域三明、南平和福州境内的野生蕉进行了实地调查和资源收集(图 1),并采集其中 10 个自然居群 349 份样品用于试验研究,具体样品分布及样品信息见表 1 和图 2。每个居群内间隔 10 m 以上,随机采集生长健壮、无病虫害的野生蕉新抽嫩叶 30~40 份,液氮速冻后置于 -80 °C 保存备用。

1.2 方法

1.2.1 野生蕉基因组 DNA 提取及 ISSR-PCR 扩增 闽江流域 349 份野生蕉叶片样品基因组 DNA 的提取、ISSR-PCR 扩增以及琼脂糖凝胶电泳参考本研究所陈红俊等^[14]建立的方法进行。

1.2.2 数据统计 根据电泳图谱,将任意位点条带记为 1,没有条带记为 0,构建 1,0 二元数据矩阵,采用 Popgene 32 计算遗传多样性参数;根据遗传相似系数采用 UPGMA 进行遗传聚类分析;参照 G. Evanno 等^[23]的方法采用模型聚类软件 STRUCTURE 2.2 进一步进行遗传结构分析。

2 结果与分析

2.1 野生蕉 ISSR 扩增结果多态性分析

闽江流域 349 份野生蕉样品 ISSR-PCR 扩增结果如表 2 所示,12 条 ISSR 引物共扩增 117 个条带,其中 105 个为多态性条带,每条引物平均扩增 9.75 个条带和 8.75 个多态性条带,多态性百分比为 89.7%。其中引物 UBC807 扩增结果多态性最低,仅为 70%,而引物 UBC810、UBC811、UBC823 和 UBC845 扩增结果多态性百分比均达到 100%。由此可见,闽江流域野生蕉具有较高水平的遗传多态性,即可能存在较高频率的遗传变异。



图中 1~4 分别为三明夏茂 XM 野生蕉自然居群、三明贡川 GC1 野生蕉自然居群、三明贡川 GC2 野生蕉自然居群和南平郑坊 ZF 野生蕉自然居群

The numbers 1-4 in these pictures denote XM wild banana population in Sanming Xiamao, GC1 wild banana population in Sanming Gongchuan, GC2 wild banana population in Sanming Gongchuan and ZF wild banana population in Nanping Zhengfang respectively

图 1 闽江流域部分野生蕉自然居群

Fig. 1 Some natural populations of wild banana in Minjiang watershed

表 1 供试野生蕉样品信息

Table 1 Informations of wild banana samples

编号 Code	流域或支流 Watershed or tributary	分布地点 Collection site	GPS 坐标 Coordinate	海拔(m) Altitude	样品数 No. of sample
XM	沙溪支流	三明夏茂	26°38'09.84"N	276	35
			117°41'36.90"E		
GC1	沙溪支流	三明贡川	26°08'37.14"N	173	35
			117°29'28.02"E		
GC2	沙溪支流	三明贡川	26°08'53.10"N	167	35
			117°29'42.78"E		
TQ	闽江上游	南平塔前	26°26'53.64"N	258	35
ZF	富屯溪支流	南平郑坊	26°41'42.66"N	422	31
			117°42'20.28"E		
DH	建溪支流	南平大横	26°43'07.44"N	85	34
BY	闽江下游	福州白云	26°02'27.48"N	514	35
			118°13'50.16"E		
HK1	闽江下游	福州霍口	26°26'14.04"N	320	36
			119°16'15.60"E		
HK2	闽江下游	福州霍口	26°26'14.04"N	304	38
			119°16'15.60"E		
BT	闽江下游	福州白塔	26°28'29.82"N	456	35
			119°28'40.32"E		

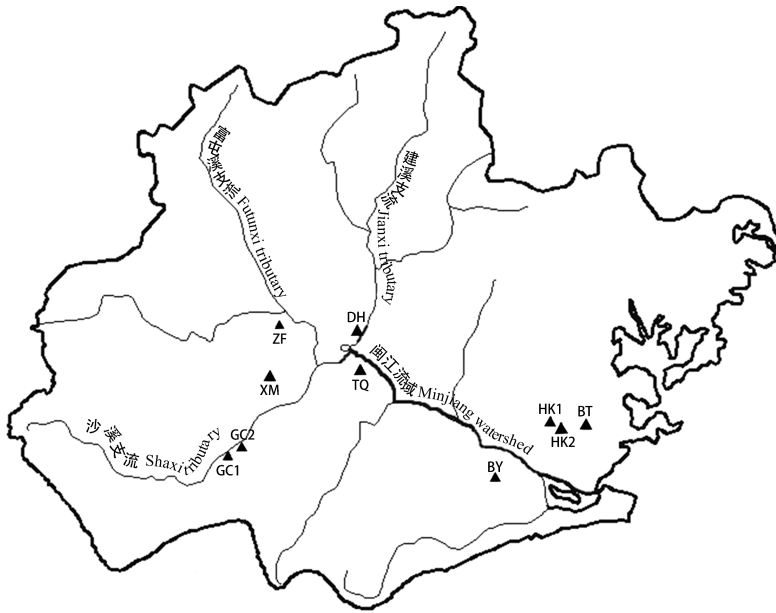


图2 闽江流域野生蕉取样分布图

Fig. 2 Sampling sites of the wild banana in Minjiang watershed

表2 12条引物PCR扩增结果多态性分析

Table 2 Polymorphic analysis by ISSR-PCR amplification based on 12 primers

引物 Primer	引物序列(5'-3') Primer sequence	总条带数 Number of total bands	多态性条带数 Number of polymorphism bands	多态性百分率(%) Polymorphic percentage
UBC807	(AG) ₈ T	10	7	70
UBC810	(GA) ₈ T	10	10	100
UBC811	(GA) ₈ C	9	9	100
UBC815	(CT) ₈ G	11	9	81.8
UBC823	(TC) ₈ C	12	12	100
UBC825	(AC) ₈ T	7	6	85.7
UBC843	(CT) ₈ RA	9	8	88.9
UBC844	(CT) ₈ RC	8	7	87.5
UBC845	(CT) ₈ RG	10	10	100
UBC855	(AC) ₈ YT	6	5	83.3
UBC856	(AC) ₈ YA	11	9	81.8
UBC891	HVH(TG) ₇	14	13	92.9
合计 Total	—	117	105	89.7

2.2 野生蕉遗传多样性分析

采用 Popgene 32 对 10 个自然居群的遗传多样性进行比较,其等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、Nei 基因多样性参数(H)、Shannon's 信息指数(I)、多态性位点数(NPB)、多态性位点百分率(PPB)等几个参数分析结果如表3。10个自然居群的 Nei 基因多样性指数(H)介于 0.068 ~ 0.156, 平均为 0.244, Shannon's 信息指数(I)介于 0.105 ~ 0.235, 平均为 0.381, 方差分析发现不同野生蕉居群间的 Nei 基因多样性指数之间具有显著差异

($F=0.967, P<0.05$), 说明闽江流域野生蕉居群间存在较高的遗传多样性水平。进一步根据数值大小排列闽江流域野生蕉自然居群的遗传多样性程度为贡川一号(GC1) > 贡川二号(GC2) > 夏茂(XM) > 白塔(BT) > 霍口二号(HK2) > 白云(BY) > 郑坊(ZF) > 塔前(TQ) > 大横(DH) > 霍口一号(HK1)。10个野生蕉自然居群的多态性位点数介于 27 ~ 58, 遗传多样性比率范围为 22.22% ~ 49.57%, 其中取自三明沙溪支流的夏茂(XM)、贡川一号(GC1)和贡川二号(GC2)野生蕉均保持较高的多态性位点百分率。

表 3 野生蕉遗传多样性参数

Table 3 Genetic diversity parameters of wild banana populations

自然居群 National population	等位基因 <i>N_a</i>	有效等位基因 <i>N_e</i>	Nei'基因多样性 <i>H</i>	香农信息指数 <i>I</i>	多态性位点数 <i>NPB</i>	多态性位点百分率 (%) <i>PPB</i>
XM	1.496	1.255	0.154	0.234	58	49.57
GC1	1.487	1.263	0.156	0.235	57	48.72
GC2	1.385	1.209	0.127	0.192	45	38.46
DH	1.231	1.107	0.070	0.109	27	23.08
TQ	1.256	1.115	0.073	0.114	30	25.46
ZF	1.265	1.131	0.085	0.131	31	26.50
BY	1.291	1.129	0.086	0.136	34	29.06
HK1	1.222	1.107	0.068	0.105	26	22.22
BT	1.291	1.138	0.090	0.140	34	29.06
HK2	1.299	1.157	0.098	0.149	35	29.91
合计 Total	1.932	1.399	0.244	0.381	109	93.16

2.3 野生蕉遗传分化分析

闽江流域野生蕉总遗传分化系数 (G_{st}) 为 0.589, 即该地区野生蕉 41.1% 的遗传分化存在于居群内, 58.9% 的遗传分化来源于居群间, 说明闽江流域野生蕉居群内和居群间均存在丰富的遗传分化或遗传变异, 且居群间的变异大于居群内部。进一步分析发现, 该地区野生蕉的基因流 (N_m) 仅为 0.349, 远远小于 1.0, 表明不同自然居群之间遗传漂移阻碍较大, 并没有高频率的基因交流。而在居群内部和居群间分析中, 居群内部个体之间遗传多样性 (H_s) 仅为 0.101, 居群间的遗传多样性 (H_t) 为 0.245, 在缺乏基因交流的情况下, 这种多样性差异可能就是由于不同遗传分化水平所导致的, 与所处野生蕉生长的局部环境差异可能存在较大关系。因此, 对该野生蕉开发利用时也需要较大的样本量以

提高利用效率。

2.4 野生蕉遗传距离分析

遗传相似度和遗传距离是鉴定物种亲缘关系的关键指标。如表 4 所示, Popgene 32 分析结果发现, 10 个自然居群野生蕉的遗传相似度介于 0.738 ~ 0.942 之间, 平均为 0.824, 说明闽江流域不同局部环境下野生蕉仍保持较近亲缘关系, 该野生蕉可能具有相同的起源。其中, 处于闽江下游霍口二号 (HK2) 与上游塔前 (TQ) 自然居群的亲缘关系最远, 仅为 0.738, 这种现象可能为二者之间巨大的局部环境差异导致; 而下游霍口一号 (HK1) 和白云 (BY) 自然居群的亲缘关系最近, 遗传相似度达到 0.942, 推测可能与这 2 个自然居群距离闽江河流主干较近且生态环境较一致有关。

表 4 闽江流域 10 个野生蕉自然居群遗传相似度和遗传距离

Table 4 The genetic identity and genetic distance of 10 natural populations of wild banana

	XM	GC1	GC2	DH	TQ	ZF	BY	HK1	BT	HK2
XM	****	0.886	0.861	0.753	0.760	0.795	0.784	0.790	0.806	0.758
GC1	0.122	****	0.923	0.769	0.795	0.831	0.810	0.833	0.847	0.824
GC2	0.149	0.081	****	0.801	0.840	0.856	0.838	0.840	0.839	0.813
DH	0.283	0.263	0.222	****	0.842	0.798	0.765	0.775	0.741	0.738
TQ	0.274	0.229	0.174	0.172	****	0.910	0.810	0.817	0.792	0.738
ZF	0.230	0.185	0.156	0.225	0.094	****	0.809	0.817	0.800	0.743
BY	0.244	0.211	0.177	0.268	0.211	0.212	****	0.942	0.921	0.896
HK1	0.235	0.183	0.175	0.255	0.202	0.202	0.060	****	0.942	0.905
BT	0.216	0.167	0.176	0.300	0.233	0.224	0.083	0.060	****	0.908
HK2	0.277	0.194	0.207	0.304	0.304	0.297	0.110	0.099	0.097	****

采用 Popgene 32 的 UPGMA 方法基于遗传距离分析发现,10 个野生蕉自然居群可聚为南平野生蕉 (NP group)、福州野生蕉 (FZ group) 和三明野生蕉 (SM group) 3 大类群,如图 3 所示,南平野生蕉类群 (NP group) 包括闽江上游的塔前 (TQ)、上游附近建溪支流的大横 (DH) 以及上游富屯溪支流的郑坊 (ZF) 3 个自然居群;福州野生蕉类群 (FZ group) 包括闽江下游的白云 (BY)、霍口一号 (HK1)、霍口二号 (HK2) 和白塔 (BT) 4 个自然居群;三明野生蕉类群 (SM group) 则包括沙溪支流的贡川一号 (GC1)、贡川二号 (GC2) 和夏茂 (XM) 自然居群。这一聚类结果与野生蕉地理位置分布、实际所属水流相符合,且根据野生蕉所在地市准确划分。

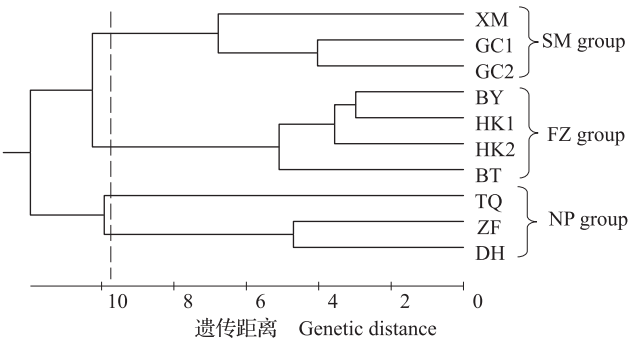


图3 基于 Nei 遗传距离的野生蕉遗传结构分析
Fig. 3 Cluster tree of 10 national populations of wild banana based on Nei's genetic distance

2.5 野生蕉自然居群遗传结构分析

STRUCTURE 软件根据样品后验概率进行模型聚类,采用不同的颜色表示分类结果,同时标注样品自然居群归属,聚类结果准确且表现效果直观。试验中设定 STRUCTURE 2.2 群体数 K 值 2~16,重复运算 7 次,对数似然函数值随群体数的增加先上升后趋于平缓,但并未出现明显拐点(图 4)。随后分析 ΔK 的变化趋势发现, K 值取 3 时, ΔK 值为 71.8,达到峰值,而 K 值取 10 或 14 时 ΔK 虽也出现较大值,但远小于前者(图 5)。因此,闽江流域野生蕉可划分为 3 大类群,与 UPGMA 聚类结果一致分别为三明野生蕉类群 (SM group)、福州野生蕉类群 (FZ group) 和南平野生蕉类群 (NP group),也进一步验证了该分类结果的准确性。

进一步分析发现,野生蕉模型聚类的后验概率 Q 值介于 0.518~0.999 之间,除贡川二号自然居群 (GC2) 以外,其余野生蕉归属 3 大类群的概率值几乎都大于 0.7,且 92.4% 的野生蕉个体分布 Q 值大于 0.9,说明该地区野生蕉居群间的遗传信息交流

可能较为有限。而贡川二号自然居群 (GC2) 较为独特, Q 值介于 0.518~0.997 之间,其中大于 0.9 的野生蕉个体仅占 68.6%,低于 0.7 的野生蕉个体占 25.7%,与其他自然居群相比,该野生蕉可能存在更高的遗传多样性,进一步结合图 6,三明野生蕉类群 (SM group) 内部颜色差异较为明显可能具有更丰富的遗传多样性,该地区野生蕉具有更高的开发利用价值。

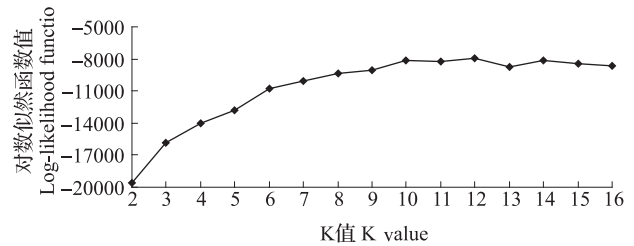


图4 对数似然函数值随类群数 K 变化趋势

Fig. 4 Plot of the log-likelihood function on K value

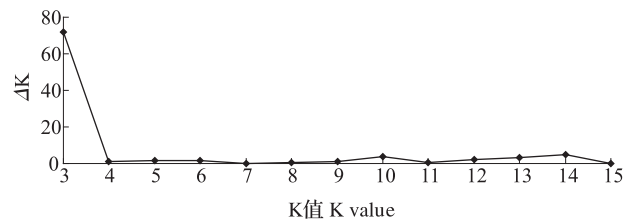


图5 ΔK 随类群数 K 变化趋势

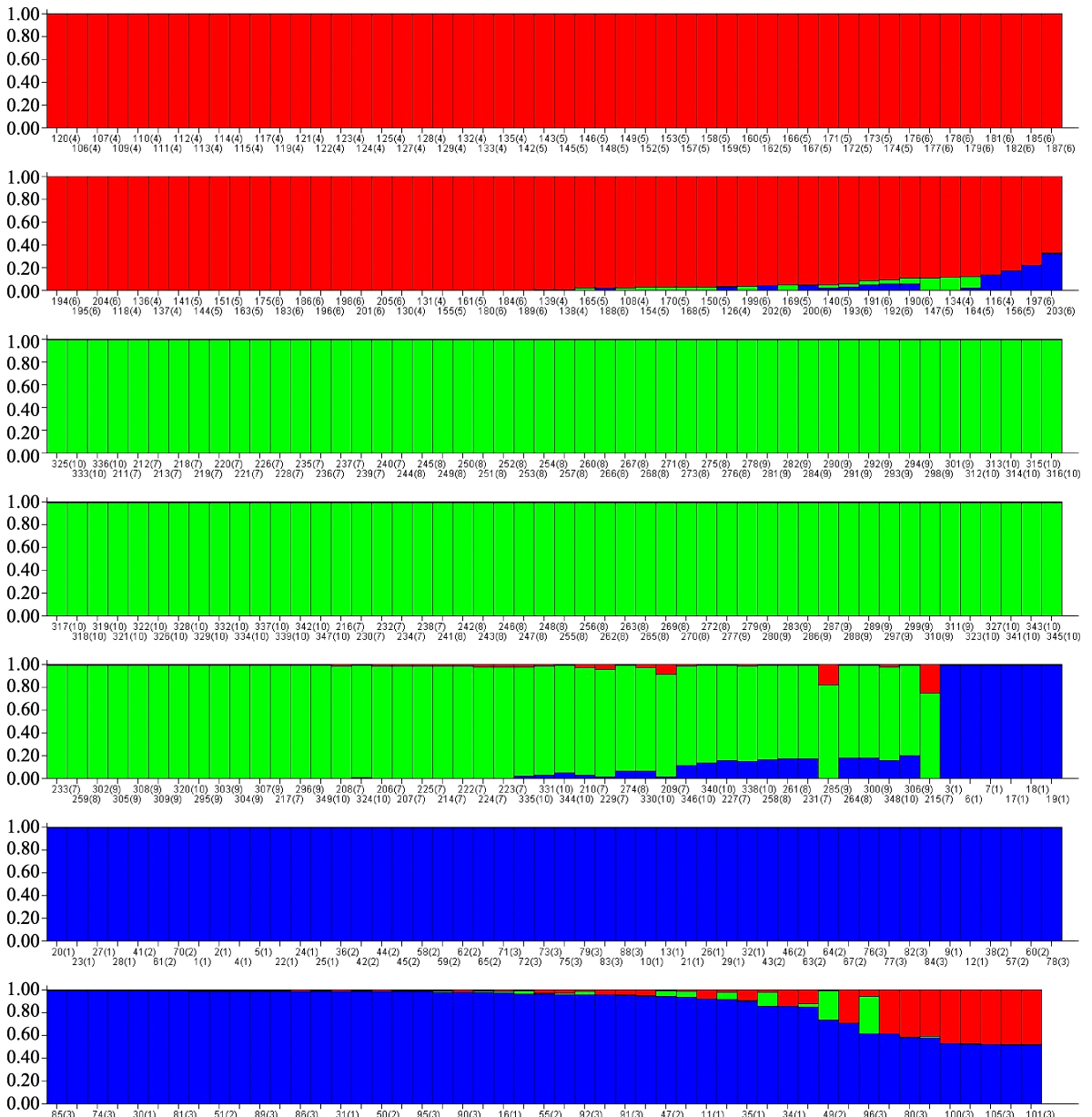
Fig. 5 Plot of the ΔK on K value

3 讨论

3.1 闽江流域野生蕉丰富的遗传多样性来源于生境异质化所引起的适应性高频率遗传变异

Nei 遗传多样性指数是物种遗传多样性研究常用指标^[23-24]。试验发现闽江流域野生蕉 Nei 遗传多样性水平为 0.244,高于 H. Nybom^[24] 公布的多种植物的平均遗传多样性水平 (0.22~0.23),也明显大于 M. Ferriol 等^[25] 揭示的单子叶植物平均遗传多样性 (0.193),显示了该地区野生蕉丰富的遗传多样性。而在已有相关研究中,这一结果也略高于广西野生蕉 0.223^[12] 的 Nei 遗传多样性水平。

通常,植物遗传多样性主要来源于遗传变异和基因交流。分析闽江流域野生蕉 ISSR 指纹图谱发现其遗传多态性为 89.7%,明显高于福建东南部野生蕉 69.5%^[14] 的水平,而与三明野生蕉 88.6%^[16] 的遗传多态性较为接近,可见闽江流域野生蕉遗传变异程度较高。进一步分析其遗传信息在居群内或



纵轴数值表示样品归属后验概率;横轴数值表示样品编号,括号中 1~10 分别代表 XM、GC1、GC2、TQ、ZF、DH、BY、HK1、HK2 和 BT 自然居群;样品所对应颜色面积比表示该样品归属相应类群的概率,其中红色、绿色和蓝色分别表示南平野生蕉类群、福州野生蕉类群和三明野生蕉类群

The values on vertical axis refer to posterior probabilities. The numbers on horizontal axis refer to sample codes, 1-10 in brackets denote XM, GC1, GC2, TQ, ZF, DH, BY, HK1, HK2 and BT national population respectively. The area proportions of different colours mean the probabilities of sample classification. The red, green and blue colour refers to NP group, FZ group and SM group respectively

图 6 基于 STRUCTURE 2.2 野生蕉聚类结果

Fig. 6 Clustering results of wild banana samples by STRUCTURE 2.2

群体间的流动水平发现其基因流参数仅为 0.349, 远远小于 1.0, 根据 S. Wright^[26] 和 D. E. Irwin 等^[27] 理论, 该野生蕉居群间遗传信息交流程度低。因此, 综合分析认为, 闽江流域野生蕉丰富的遗传多样性源于高水平遗传变异。

在此基础上, 进一步研究发现闽江流域野生蕉

总遗传变异系数为 0.589, 即居群间的遗传分化程度大于居群内, 根据 J. Bussell^[28] 公布植物远交物种和近交物种居群间 0.193 和 0.625 的平均值, 闽江流域野生蕉应为近距离杂交为主的混合类群。而在试验中, STRUCTURE 2.2 和 UPGMA 同时将该地区野生蕉分为三明、南平和福州 3 大类群。由此初步

推断,闽江流域野生蕉丰富的遗传多样性主要来源于3个地区之间独特的局部环境造成的大幅度定向遗传变异。在已有报道中,杨锋等^[29]、H. P. Zhou等^[30]和史建强等^[31]曾研究证实自然选择压、分布格局和地理环境是植物空间遗传结构和遗传关系重要影响因素,王雷宏等^[32]和K. Wei等^[33]也认为居群间生境异质性的增加产生不同选择压和适合度水平并最终会导致遗传分歧,而E. Nevo^[34]和雷伟等^[35]发现温度是这其中最关键的环境因子。综合本试验结果与福建各地气候环境进行分析,闽江下游福州地区处沿海地带,受海洋气流调节,终年气候温和,野生蕉主要以提高抗病能力为主;上游南平野生蕉分布于内陆山区,冬季易受冷空气影响,主要以抗寒变异为主;而三明沙溪地区东临戴云山,西为武夷山,南有玳瑁山,形成了一个类似盆地的小气候类型,影响因素更为复杂。此外,植物的遗传变异也受生殖模式影响,野生蕉居群扩大和数目增加主要依靠地下茎和种子构成遗传体的传播,王红卫等^[36]认为这种有性繁殖和克隆繁殖相结合易形成和积累变异。在早期野生蕉调查和生物学特征分析时,赖钟雄等^[18-19]发现三明野生蕉和福州野生蕉表观性状存在较大差异,因此,我们认为闽江流域野生蕉起源古老,通过环境定向选择以及特殊繁殖方式积累大量变异,形成了多样性资源体系,从而导致了这种形态学差异。

3.2 水流是闽江流域野生蕉遗传信息迁移的自然主导因素

陈红俊等^[14]研究福州和泉州野生蕉遗传结构时认为地理隔离与野生蕉亲缘关系密切相关,而随后赖恭梯等^[16]提出水流是福建中部野生蕉群落形成和迁移的环境因子,由此推断,福建野生蕉亲缘关系受水流和地理分布双重自然力的影响。本研究中,闽江流域不同河段野生蕉自然居群间遗传相似度达到0.824,野生蕉亲缘关系较近,而水流可能是这种亲缘关系的维系纽带。在遗传结构聚类中,自然居群实际分布距离较近的夏茂(XM)和郑坊(ZF)并不归一类,而与同属沙溪支流的贡川(GC)归类,从而验证了这一结论;同属沙溪支流地理隔离较近的贡川一号(GC1)和二号(GC2)遗传相似性也更高,也说明地理距离是除水流之外另一个重要因素。综上所述,闽江流域野生蕉遗传信息迁移关键的自然因素是水流,其次是地理隔离。J. Rong等^[37]研究认为,距离隔离可有效降低群落间的基因漂移,这可能由于距离隔离导致风媒为主的空气中花粉密度

下降;此外,昆虫授粉和小型野生动物取食蕉果所导致的遗传信息迁移也受地理隔离和迁移地自然环境的不确定性所制约。而水流引起的野生蕉种子和假茎的迁移阻力较小,水流附近水量丰富,高大植被较少,也易形成野生蕉大型群落。因此,空气、昆虫和小型野生动物等介导的野生蕉遗传信息漂移只在较小的空间范围产生作用,而水流才是闽江流域野生蕉遗传漂移的自然主导因素。这种水流介导的植物遗传体转移导致的基因漂移现象在野生稻^[38]和野生莲^[39]等其他湿生植物中也有报道。

3.3 沙溪支流的三明类群可能是闽江流域野生蕉的起源中心

在植物进化及亲缘关系研究中,通常认为物种起源中心兼具种质资源遗传变异丰富、遗传多样化程度高等特点^[40]。在闽江流域野生蕉种质资源研究中发现,三明野生蕉比南平、福州等地野生蕉遗传多样性和遗传变异程度高,且三明野生蕉同时与南平和福州野生蕉保持较近的亲缘关系。由此推断,三明沙溪是闽江流域野生蕉的起源中心。从生态环境角度分析,三明沙溪地处闽江流域上游,受三大山脉环状包围,土壤肥沃,水源充足,往往容易形成大型野生蕉群落,且经长期积累和演变最终建立丰富的野生蕉遗传信息库,随后该野生蕉原始种群以水流为媒介向其他地区进行扩散和辐射,并在河流平缓和气候适宜地区重新建立群落。

此外,结合前人研究结果,福建野生蕉遗传变异和遗传多样性程度大小分别是三明野生蕉 > 福州野生蕉 > 泉州野生蕉^[14-17],由此推断三明野生蕉可能也是福建中部和东南部野生蕉的起源中心,也是该地区野生蕉最有利用价值的类群。

参考文献

- [1] 冯慧敏,陈友,邓长娟,等. 芭蕉属野生种的地理分布[J]. 果树学报,2009,26(3):361-368
- [2] Padmash P, Mukunthakumar S, Vineesh P, et al. Exploring wild genetic resources of *Musa acuminata* Colla distributed in the humid forests of southern Western Ghats of peninsular India using ISSR markers[J]. Plant Cell Rep,2012,31(9):1591-1601
- [3] Mukunthakumar S, Padmash P, Vineesh P, et al. Genetic diversity and differentiation analysis among wild antecedents of banana (*Musa acuminata* Colla) using RAPD markers[J]. Indian J Biotechnol,2013,12(4):493-498
- [4] Burgos-Hernández M, Hernández D G, Castillo-Campos G. Genetic diversity and population genetic structure of wild banana *Musa ornata* (Musaceae) in Mexico[J]. Plant Systemat Evol,2013,299(10):1899-1910
- [5] Wong C, Kiew R, Loh J P, et al. Genetic diversity of the wild banana *Musa acuminata* Colla in Malaysia as evidenced by AFLP[J]. Ann Bot,2001,88(6):1017-1025
- [6] Uma S, Siva S, Saraswathi M, et al. Variation and intraspecific re-

- relationships in Indian wild *Musa balbisiana* (BB) population as evidenced by random amplified polymorphic DNA [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2006, 53(2): 349-355
- [7] Valdez-Ojeda R, James-Kay A, Ku-Cauich J R, et al. Genetic relationships among a collection of *Musa* germplasm by fluorescent-labeled SRAP [J]. *Tree Genet Genom*, 2014, 10(3): 465-476
- [8] 冯慧敏, 陈友, 李博, 等. 中国芭蕉属野生种表型性状和 SSR 多样性分析 [J]. *热带作物学报*, 2011, 32(4): 708-714
- [9] Wang J Y, Huang B Z, Chen Y Y, et al. Identification and characterization of microsatellite markers from *Musa balbisiana* [J]. *Plant Breeding*, 2011, 130(5): 584-590
- [10] Wang X L, Chiang T Y, Roux N, et al. Genetic diversity of wild banana (*Musa balbisiana* Colla) in China as revealed by AFLP markers [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2007, 54(5): 1125-1132
- [11] Qin X Q, Peng H X, Long X, et al. Preliminary study on ISSR analysis and classification of wild *Musa* germplasm in Guangxi, China [J]. *Acta Horticult*, 2011, 897(4): 259-262
- [12] 秦献泉. 广西野生蕉资源调查、分类及遗传多样性研究 [D]. 南宁: 广西大学, 2009
- [13] 刘伟良. 应用 SSR 分析海南岛野生香蕉 (*M. itinerans*) 居群遗传多样性 [D]. 海口: 海南大学, 2008
- [14] 陈红俊, 赖钟雄, 刘炜娅, 等. 福建东南部野生蕉 7 个自然居群 289 份样品的 ISSR 分析 [J]. *热带作物学报*, 2013, 33(12): 2115-2124
- [15] 陈源, 赖钟雄, 赵巧阳, 等. 福州, 三明野生蕉种群遗传多样性的 RAPD 分析 [J]. *福建农林大学学报: 自然科学版*, 2008, 37(4): 379-384
- [16] 赖恭梯, 赖钟雄, 刘炜娅, 等. 福建中部 3 个野生蕉自然居群基于 NTSYS 和 STRUCTURE 软件的 ISSR 分析 [J]. *热带作物学报*, 2014, 35(2): 223-231
- [17] 张锐, 赖钟雄, 刘生财, 等. 福建野生蕉 (*Musa* spp., AB Group) 3 个自然居群遗传多样性的 RAPD 分析 [J]. *福建农林大学学报: 自然科学版*, 2013, 42(3): 246-251
- [18] 赖钟雄, 陈源, 林玉玲, 等. 三明野生蕉基本生物学特性调查 [J]. *亚热带农业研究*, 2007, 2(4): 241-244
- [19] 赖钟雄, 陈源, 林玉玲, 等. 福州野生蕉 (*Musa* spp., AA Group) 的发现及其分类学地位的初步确定 [J]. *亚热带农业研究*, 2007, 3(1): 1-5
- [20] 姜燕. 中国主蕉类形态学与分子系统学研究 [D]. 重庆: 西南农业大学, 2005
- [21] 刘伟良, 陈友, 王静毅, 等. 云南热带地区野生香蕉资源考察及分布现状分析 [J]. *热带作物学报*, 2007, 27(3): 31-34
- [22] 刘伟良, 王静毅, 黎明, 等. 海南岛野生香蕉居群分布与居群内植物组成 [J]. *中国农学通报*, 2007, 23(8): 476-481
- [23] Evanno G, Regnaut S, Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study [J]. *Mol Ecol*, 2005, 14(8): 2611-2620
- [24] Nybom H. Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants [J]. *Mol Ecol*, 2004, 13(5): 1143-1155
- [25] Ferriol M, Pico B, Nuez F. Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers [J]. *Theor Appl Genet*, 2003, 107(2): 271-282
- [26] Wright S. Variability within and among natural populations [M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978: 4
- [27] Irwin D E, Bensch S, Irwin J H, et al. Speciation by distance in a ring species [J]. *Science*, 2005, 307(5708): 414-416
- [28] Bussell J. The distribution of random amplified polymorphic DNA (RAPD) diversity amongst populations of *Isotoma petraea* (Lobeliaceae) [J]. *Mol Ecol*, 1999, 8(5): 775-789
- [29] 杨锋, 刘志, 伊凯, 等. 东北山定子 (*Malus baccata* (L.) Borkh 野生居群表型遗传多样性分析及生态地理分布研究 [J]. *植物遗传资源学报*, 2015, 16(3): 490-496
- [30] Zhou H P, Chen J. Spatial genetic structure in an understorey dioecious fig species: the roles of seed rain, seed and pollen-mediated gene flow, and local selection [J]. *J Ecol*, 2010, 98(5): 1168-1177
- [31] 史建强, 李艳琴, 张宗文, 等. 荞麦及其野生种遗传多样性分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2015, 16(3): 443-450
- [32] 王雷宏, 郑玉红, 汤庚国. 8 个山荆子居群遗传多样性的 ISSR 分析 [J]. *西北植物学报*, 2010(7): 1337-1343
- [33] Wei K, Xue D W, Jin X L, et al. Genotypic and environmental variation of β -amylase activity, β -glucan and protein fraction contents in Tibetan wild barley [J]. *J Zhejiang Univer Sci*, 2009, 35(6): 639-644
- [34] Nevo E. Evolution of genome-phenome diversity under environmental stress [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2001, 98(11): 6233-6240
- [35] 雷伟, 王昌江, 普世皇, 等. 种植海拔差异对水稻雄配子体基因型的选择效应 [J]. *分子植物育种*, 2013, 11(27): 1197-1205
- [36] 王红卫, 程月琴, 方向民, 等. 珍稀植物太行花的遗传多态性及其分化 [J]. *西北植物学报*, 2011, 31(1): 45-51
- [37] Rong J, Lu B R, Song Z, et al. Dramatic reduction of crop-to-crop gene flow within a short distance from transgenic rice fields [J]. *New Phytol*, 2007, 173(2): 346-353
- [38] 盖红梅, 陈成斌, 沈法富, 等. 广西武宣濠江流域普通野生稻居群遗传多样性及保护研究 [J]. *植物遗传资源学报*, 2005, 6(2): 156-162
- [39] 薛建华, 卓丽环, 周世良. 黑龙江野生莲遗传多样性及其地理式样 [J]. *科学通报*, 2006, 51(3): 299-308
- [40] 李秀, 徐坤, 巩彪. 生姜种质遗传多样性和亲缘关系的 SRAP 分析 [J]. *中国农业科学*, 2013, 47(4): 718-726