

89 份香蕉种质资源 SRAP 分子标记亲缘关系分析

周海琪, 夏玲*, 吕顺, 曾莉莎, 王芳**, 黄晓彦, 陈东仪, 刘文清,
梁少丽, 刘丽琴

东莞市农业科学研究中心, 广东东莞 523000

摘要: 香蕉分类是一个难题, 利用形态学特征进行分类已无法满足需要。分子标记技术逐渐被应用到香蕉品种(系)的种群鉴定与分类、亲缘关系分析和遗传多样性研究等方面。本研究采用 SRAP 分子标记技术对 89 份香蕉种质资源的亲缘关系进行分析。利用 10 对正反引物两两组合成 100 对引物组合, 从中筛选出扩增条带易于识别、带型清晰、多态性高的 13 对 SRAP 引物, 共扩增出 170 条可辨认条带, 平均每对引物扩增 13.08 条, 其中表现出多态性的条带有 140 条, 多态性比率为 79.00%。89 份香蕉种质资源的相似系数的变化范围在 0.241~1.000 之间, 遗传多样性非常丰富, 来源于同一个地方或者来源不同地方的同一类型的野生蕉的相似性系数较高。当相似性系数为 0.49 时可以将这 89 份香蕉资源分成六大类, 包括香牙蕉、贡蕉和龙牙蕉为主的第一大类(AAA、AA、AAB 基因型), 粉大蕉、粉蕉和 BB 类野蕉为主的第二大类(ABB、BB 基因型), 大蕉、阿宽蕉类野蕉为主的第三大类, 以及红花蕉、地涌金莲、蝎尾蕉分别所属的第四、五、六类群。其结果与现行的经典分类结论基本一致, 只有部分香蕉种质分类地位有差异, 说明用 SRAP 标记对香蕉种质资源进行分类是可行的。同时, 栽培类香牙蕉、贡蕉和龙牙蕉具有相同的祖先, 与 AA 基因型野蕉亲缘关系近, 粉蕉、粉大蕉与 BB 基因型的野蕉亲缘关系较近, 不同基因组的香蕉种质资源聚到一起, 说明香蕉种质资源的起源影响后代的亲缘关系, 单一的分类方法无法将香蕉种质资源完全区分。此外, 大蕉与阿宽蕉亲缘关系较近, 但是无法分辨大蕉是否含有 A 和 B 基因组, 因此大蕉基因型和遗传背景有待进一步研究。

关键词: 香蕉; SRAP; 聚类分析; 亲缘关系

中图分类号: S668.1 文献标志码: A

Genetic Relationship Analysis among 89 Banana Germplasms Based on SRAP Molecular Markers

ZHOU Haiqi, XIA Ling*, LYU Shun, ZENG Lisha, WANG Fang**, HUANG Xiaoyan, CHEN Dongyi,
LIU Wenqing, LIANG Shaoli, LIU liqin

Dongguan Agricultural Research Centre, Dongguan, Guangdong 523000, China

Abstract: Banana classification is a difficult problem, using morphological features to classify is unable to meet the needs. Molecular marker technology has been gradually applied to population identification and classification, genetic relationship analysis and genetic diversity research of banana varieties (lines). In this paper, SRAP molecular marker technology was used to analyze the genetic relationship of 89 banana germplasm resources. Using 10 pairs of positive and negative primers to form 100 pairs of primer combinations, and 13 pairs of SRAP primers with easy identification, clear band type and high polymorphism were screened out. 170 identifiable bands were amplified by the 13 pairs of primers, with an average of 13.08 bands per pair of primers, of which 140 bands showed polymorphism, with a polymorphism ratio of 79.00%. The similarity coefficient of 89 banana germplasm resources varied from 0.241 to 1.000, and the genetic diversity was very rich. The similarity coefficient of the same type of wild banana from the same place or

收稿日期 2022-12-29; 修回日期 2023-01-17

基金项目 东莞市 2021 年度省乡村振兴战略专项资金“大专项+任务清单”(No. 20211800400052); 广东省级农业科技创新及推广项目“香蕉菠萝产业技术体系创新团队”(No. 2023KJ109); 2022 年东莞市科技特派员项目(No. 20221800500062)。

作者简介 周海琪(1993—), 女, 硕士, 研究方向: 植物分子生物学; *同等贡献作者: 夏玲(1987—), 女, 硕士, 农艺师, 研究方向: 分子育种。 **通信作者(Corresponding author): 王芳(WANG Fang), E-mail: 29333689@qq.com。

different places was high. When the similarity coefficient was 0.49, the 89 banana resources could be divided into six groups. The first major category were AAA group Xiangyajiao, AA group Gongjiao, AAB group Longyajiao and AA group wild banana (AAA, AA, AAB). The second major category were ABB group Fenjiao, ABB group Fendajiao and BB group wild banana (ABB, BB). The third major category were Dajiao and a banana wild relative *Musa itinerans*. *M. coccinea*, *Musella lasiocarpa*, *Heliconia* belonged respectively to the fourth, fifth and sixth category. The results are basically consistent with the current classical classification conclusion. Only some banana germplasm have different classification status, indicating that it is feasible to use SRAP markers to classify banana germplasm resources. At the same time, the cultivated Xiangya banana, Gongya banana and Longya banana have the same ancestry, and are close to the wild banana of AA genotype, while the wild banana of BB genotype is close to the pink banana, the pink banana and the wild banana of BB genotype, and the banana germplasm resources of different genomes are gathered together, which showing that the origin of banana germplasm resources affects the genetic relationship of offspring, and a single classification method cannot completely distinguish the banana germplasm resources. In addition, the genetic relationship between plantain and plantain is relatively close, but it is impossible to distinguish whether plantain contains A and B genomes, so the genotype and genetic background of plantain need further study.

Keywords: banana; SRAP; cluster analysis; genetic relationship

DOI: 10.3969/j.issn.1000-2561.2024.04.006

香蕉是目前世界上产量和贸易量最大的水果之一，也是热带、亚热带地区重要的经济作物和粮食作物^[1]。香蕉味道香甜，营养丰富，物美价廉，深得人们喜爱，而且香蕉植株优美，也常被人们用来装点环境。我国是香蕉的原产地之一，具有丰富的种质资源，同时也具有悠久的栽培历史。目前香蕉的栽培品种主要有香牙蕉、龙牙蕉、贡蕉、粉蕉和大蕉，这些品种基本由尖叶蕉（*Musa acuminata* Colla, A 基因组）和长梗蕉（*Musa balbisiana* Colla, B 基因组）这 2 个野生品种发展而来^[2]，染色体倍性包含二倍体、三倍体（主要）和四倍体。由于来源、地域、育种手段等因素，不同的香蕉品种间的遗传背景存在差异。香蕉一直沿用 SIMMONDS^[3]的分类方法来识别和分类不同的香蕉品种，但是随着研究的深入和研究技术手段的更新，这种单一的、依靠形态特征的分类方法已经无法满足对香蕉亲缘关系和遗传多样性等研究的需求，甚至对研究造成一定的阻碍，如香蕉品种的分类分组与基因组组成不完全一致^[4]，影响香蕉种质资源的合理利用。因此，结合分子标记技术鉴定香蕉种质资源、分析其亲缘关系和研究遗传多样性是非常必要的。

国内外关于运用分子标记技术来研究香蕉种质的报道众多，SSR、AFLP、ISSR、RAPD、SRAP 等分子标记^[5-9]被应用在分析香蕉品种（系）的种群鉴定与分类、遗传多样性等方面。SRAP 技术是一种基于 PCR 的分子标记技术^[10]，具有简便、快速、引物设计简便、多态性和信息量丰富等特点，

广泛应用于园艺植物遗传育种^[11]、作物改良^[12]、果树种质资源鉴定和亲缘关系分析^[13-17]等方面。谢子四等^[18]利用 SRAP 标记对 29 份香蕉材料进行了基因组多态性分析，扩增出 324 条可辨认条带，多态性比率为 80.86%；漆艳香等^[9]应用 SRAP 标记对 21 份香蕉种质的遗传多态性进行分析。但这些报道都以少量或地方代表的个别品种为试验材料，不够系统和全面。本研究采用 SRAP 分子标记技术，以 89 份来至国内外的香蕉种质，包括香牙蕉、龙牙蕉、贡蕉、大蕉、粉蕉和不同类型的野蕉等多种香蕉类型为材料，探讨各类型、品种之间的亲缘关系，为香蕉育种、品种鉴定、新品种保护等提供分子水平上的依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试 89 份材料取自东莞市农业科学研究中心的香蕉种质资源圃和麻涌试验基地，89 份香蕉种质资源样品的基因型和来源见表 1，SRAP 引物序列由英潍捷基（上海）贸易有限公司合成，DL2000 DNA marker、dNTPs、Taq DNA 聚合酶，10×Buffer 等均购自 TranGene 公司。

1.2 方法

1.2.1 香蕉基因组 DNA 的提取及检测 取香蕉幼嫩的新叶，采用改良的 CTAB 法^[19]提取 DNA，经蛋白核酸检测仪检测 DNA 浓度与纯度后，用 0.8% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量，最后将 DNA 稀释至所需浓度置于 -20 ℃ 冰箱贮存备用。

表 1 供试香蕉材料
Tab. 1 Banana material for experiment

品种 Cultivar	种/亚种 Species/Subspecies	来源 Origin	品种 Cultivar	种/亚种 Species/Subspecies	来源 Origin
G30	香牙蕉 AAA	东莞市香蕉蔬菜研究所	银丰 1 号	ABB Bluggoe	广东省农科院果树研究所
NK4-1	香牙蕉 AAA	东莞市香蕉蔬菜研究所	棱指蕉	ABB Bluggoe	华南农业大学园艺学院
catas1	香牙蕉 AAA	中国热带农业科学院环境与植 物保护研究所	孟加拉粉大蕉	ABB Bluggoe	广东省农科院果树研究所
catas5	香牙蕉 AAA	中国热带农业科学院环境与植 物保护研究所	东莞粉大蕉	ABB Bluggoe	东莞本地品种
天宝矮蕉	香牙蕉 AAA	福建漳州	孟加拉菜	ABB	广东省农科院果树研究所
粤优抗 1 号	香牙蕉 AAA	华南农业大学园艺学院	海贡	贡蕉 AA	广东省农科院果树研究所
泰国	香牙蕉 AAA	广东省农科院果树研究所	贡蕉	贡蕉 AA	广东省农科院果树研究所
菲律宾	香牙蕉 AAA	广东省农科院果树研究所	佳丽	贡蕉 AA	广东省农科院果树研究所
1442	香牙蕉 AAA	华南农业大学园艺学院	佛手蕉	贡蕉 AA	福建漳州
1443	香牙蕉 AAA	华南农业大学园艺学院	泰国贡蕉	贡蕉 AA	广东省农科院果树研究所
巴西	香牙蕉 AAA	国外	玫瑰蕉	贡蕉 AA	广东省农科院果树研究所
漳选 8-2	香牙蕉 AAA	福建漳州	河口龙牙(贵妃蕉)AAA		广东省农科院果树研究所
漳选 2 号	香牙蕉 AAA	福建漳州	金指	龙牙蕉 AAB	广东省农科院果树研究所
粤丰 1 号	香牙蕉 AAA	广东省农科院果树研究所	金沙香	龙牙蕉 AAB	广东省农科院果树研究所
8818	香牙蕉 AAA	广东省农科院果树研究所	夫人指	龙牙蕉 AAB	广东省农科院果树研究所
红研 2 号	香牙蕉 AAA	云南省红河热带农业科学研究所	紫茎蕉	龙牙蕉 AAB	广东省农科院果树研究所
大蜜啥	Gros Michel AAA	广东省农科院果树研究所	过山香	龙牙蕉 AAB	广东东莞
罗坝大蕉	大蕉	广东南雄	千指蕉	AAB	广东省农科院果树研究所
畦头大蕉	大蕉	广东省农科院果树研究所	五山野蕉	野蕉 BB	广东省农科院果树研究所
三江大蕉	大蕉	广东省农科院果树研究所	云南那邦	野蕉 BB	云南德宏
中山大蕉	大蕉	广东省农科院果树研究所	广西凭祥	野蕉 BB	广西凭祥
海南芭蕉	大蕉	广东省农科院果树研究所	天宝野蕉	野蕉 BB	福建漳州
番禺大蕉	大蕉	广东省农科院果树研究所	野蕉 1 号	野蕉 BB	云南
潮州大蕉	大蕉	广东省农科院果树研究所	BB 野	野蕉 BB	广西省农科院园艺研究所
海南牛角蕉	大蕉	广东省农科院果树研究所	增城野蕉	野蕉 BB	广东广州
广西中把大蕉	大蕉	广东省农科院果树研究所	紫花蕉(美叶芭蕉)野蕉 AA		未知
木棉蕉	大蕉	广东省农科院果树研究所	阿宽野蕉	<i>M. itinerans</i>	广东省农科院果树研究所
东莞高把大蕉	大蕉	广东东莞	龙岩野蕉	<i>M. itinerans</i>	福建龙岩
防城大蕉	大蕉	广西省农科院园艺研究所	云南漾濞	<i>M. itinerans</i>	云南漾濞
矮大蕉	大蕉	广东	三明野蕉	<i>M. itinerans</i>	福建三明
巴马高把大蕉	大蕉	广西省农科院园艺研究所	五指山 1 号	<i>M. itinerans</i>	海南五指山
柴蕉	大蕉	福建	五指山 2 号	<i>M. itinerans</i>	海南五指山
云南牛角蕉	大蕉	广东省农科院果树研究所	五指山 3 号	<i>M. itinerans</i>	海南五指山
兴隆酸蕉	大蕉	南亚热带作物研究所	广宁野蕉	<i>M. itinerans</i>	广东怀集
饭芭蕉	大蕉	广东省农科院果树研究所	宾阳野蕉	<i>M. itinerans</i>	广西省农科院园艺研究所
牛芭蕉	大蕉	广东省农科院果树研究所	龙州野蕉	<i>M. itinerans</i>	广西省农科院园艺研究所
封开大蕉	大蕉	广东省农科院果树研究所	千旁培	BBB	广东省农科院果树研究所
粉杂 1 号	粉蕉 ABBB	广东省农科院果树研究所	LF	AAAB	广东省农科院果树研究所
马来西亚粉蕉	ABB	未知	飞亚(飞亚-25)	AAA	广东省农科院果树研究所
东莞细粉	粉蕉 ABB	东莞本地品种	芭蕉	<i>M. basjoo</i>	广东省农科院果树研究所
大粉蕉	ABB	未知	盛 2	<i>M. basjoo</i>	广东省农科院果树研究所
沙巴	ABB	广东省农科院果树研究所	地涌金莲	<i>Musella lasiocarpa</i>	云南
南海粉大蕉	ABB Bluggoe	广东南海	红花蕉	<i>M. coccinea</i>	云南河口
四方大蕉	ABB Bluggoe	广东省农科院果树研究所	蝎尾蕉	<i>Heliconia</i> sp.	未知
灰大蕉	ABB Bluggoe	广东省农科院果树研究所			

1.2.2 SRAP 引物的筛选及 PCR 扩增 运用 SRAP 分子标记引物(10 个正向引物和 10 个反向引物两两组合成 100 对引物组合, 表 2), 以 5 份香蕉品种为模板, 对 100 对引物进行筛选, 每个引物重复 2~3 次, 筛选能扩增出多态性好且条带多的最适合引物组合。PCR 扩增反应在 Bio-le PCR 扩增仪上进行, 反应体系: 20 μ L 的 PCR 反应体系含有 10 $\times$ buffer(含 Mg^{2+}) 2 μ L, 0.2 mmol/L dNTPs(2.5 nmol/L) 2 μ L, 上、下引物(10 μ mol/L)

各 1 μ L, DNA (20 ng/L) 2 μ L 及 *Taq* DNA 聚合酶 1 μ L。反应程序为 94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 1 min, 35 $^{\circ}$ C 退火 1 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 5 个循环; 94 $^{\circ}$ C 变性 1 min, 50 $^{\circ}$ C 退火 1 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 循环 35 次; 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。扩增反应结束后, 加入 4 μ L 6 $\times$ loading buffer, 取 8~10 μ L 扩增产物在 1.8%琼脂糖凝胶中电泳, 电极缓冲液为 0.5 $\times$ TBE, 在凝胶成像仪中观察并照相。

表 2 SRAP 引物筛选所用的引物及其序列
Tab. 2 Primers and their sequences used in SRAP primer screening

引物名称 Primer name	引物序列 (5'-3') Primer sequence (5'-3')	引物名称 Primer name	引物序列 (5'-3') Primer sequence (5'-3')
em1	GACTGCGTACGAATTCAA	me1	TGAGTCCAAACCGGATA
em2	GACTGCGTACGAATTAAT	me2	TGAGTCCAAACCGGAAG
em3	GACTGCGTACGAATTGAC	me3	TGAGTCCAAACCGGACC
em4	GACTGCGTACGAATTCTGA	me4	TGAGTCCAAACCGGTAG
em5	GACTGCGTACGAATTAAC	me5	TGAGTCCAAACCGGTGC
em6	GACTGCGTACGAATTGCA	me6	TGAGTCCAAACCGGAGA
em7	GACTGCGTACGAATTGAG	me7	TGAGTCCAAACCGGGAC
em8	GACTGCGTACGAATTGCC	me8	TGAGTCCAAACCGGGTA
em9	GACTGCGTACGAATTTCA	me9	TGAGTCCAAACCGGAAC
em10	GACTGCGTACGAATTCAT	me10	TGAGTCCAAACCGGAAT

1.3 数据处理

经过 2~3 次重复, 统计稳定可靠的多态性位点, 扩增条带在同一位置不同样品中, 有条带记为“1”, 无条带记为“0”, 建立 (0, 1) 矩阵, 用 Ntsys 软件采用 UPGMA(unweighed pair method airtthnetic average) 进行聚类分析, 构建树状图。

2 结果与分析

2.1 89 份香蕉种质资源基因组 DNA 的检测

将提取的 89 份香蕉样品基因组 DNA 采用 0.8%琼脂糖凝胶电泳进行检测, 结果显示香蕉基因组 DNA 主带明显, 呈现一条完整发亮的谱带, 无降解拖尾现象。经核酸蛋白仪检测后, 所得 DNA 母液 OD₂₆₀/OD₂₈₀ 在 1.8 左右, OD₂₆₀/OD₂₃₀ $\geq$ 2.0, 浓度在 1000~1800 ng/ μ L 之间, 表明所提取的香蕉基因组 DNA 完整性较好, 纯度高, 无小分子物质和蛋白质的污染, 能够满足后续试验要求。将 DNA 分装至 PCR 管中备用, 用时稀释至 30 ng/ μ L。

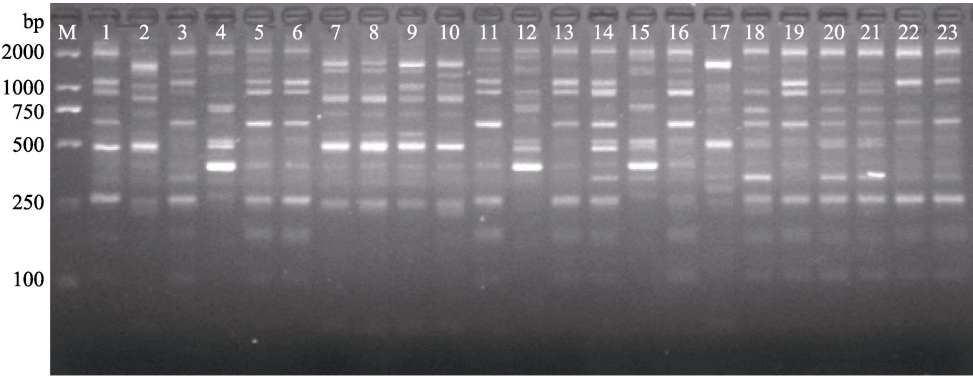
2.2 香蕉 SRAP 引物筛选及 PCR 扩增

利用表 2 所列的正反引物各 10 条, 共 100 对

引物组合进行筛选, 以其中扩增条带易于识别、带型清晰、多态性高的 13 对引物对供试材料进行分析。结果表明, 13 对引物共扩增出 170 条条带, 平均每对引物 13.08 条, 其中多态性带共 140 条 (图 1, 图 2)。各引物产生的多态性带比例为 64.3%~92.9%, 平均为 79.0% (表 3)。

2.3 遗传相似性系数分析

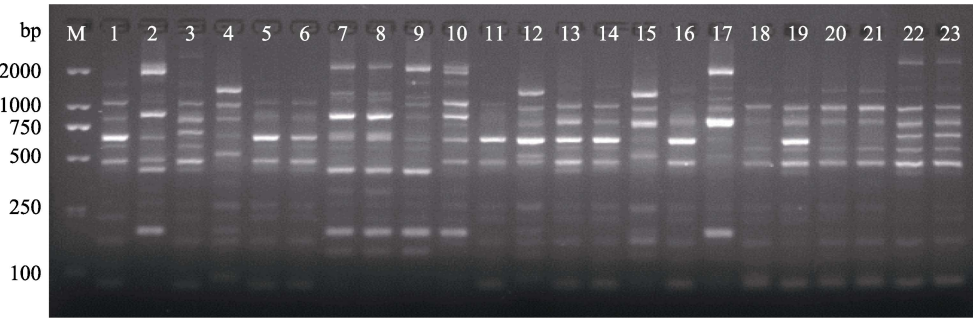
在遗传相似系数矩阵中, 89 份香蕉种质资源的相似系数的变化范围在 0.241~1.000 之间, 在这些香蕉种质中, 8818 与天宝野蕉、8818 与罗坝大蕉、罗坝大蕉与夫人指、畦头大蕉与红研 2 号、矮大蕉与粤丰 1 号的相似系数最低, 为 0.241。海贡和贡蕉相似性系数最高, 为 1.000, 其 SRAP 分子标记带型基本一致, 但在田间表现中, 海贡和贡蕉是有一定差异的, 海贡具有枯萎病抗性, 而贡蕉是感病品种。究其原因一方面可能我们采用的 SRAP 分子标记位点还比较少, 不足以区分这 2 个品种, 另一方面也有可能样品混淆, 需要进一步实验证明。此外, 分别来自于云南和广西的云南那邦和广西凭祥相似性系数为 0.983, 同时来自于云南的野蕉 1 号与这 2 个种质资源的相似性



M: DL2000 DNA marker.

图 1 引物对 **em10-me9** 在 23 个香蕉种质的扩增结果

Fig. 1 Amplification of 23 banana samples by em10-me9 primer



M: DL2000 DNA marker.

图 2 引物对 **em4-me4** 在 23 个香蕉种质的扩增结果

Fig. 2 Amplification of 23 banana samples by em4-me4 primer

表 3 SRAP 引物组合及扩增结果

Tab. 3 SRAP primer combination and amplification results

引物组合 Primer combination	总条带数 Total number of stripes	多态性带数 Polymorphic bands	多态带百分率 Polymorphic band percentage/%
em1-me6	17	14	82.4
em2-me1	11	9	81.8
em2-me2	11	8	72.7
em2-me4	14	13	92.9
em2-me7	15	12	80.0
em2-me8	14	10	71.4
em4-me4	16	13	81.3
em5-me9	13	10	76.9
em7-me3	10	9	90.0
em7-me5	14	9	64.3
em8-me1	12	8	66.7
em8-me6	16	13	81.3
em10-me9	14	12	85.7
合计	170	140	79.0

系数也在 0.900 以上,这 3 个品种均为 BB 类野蕉,亲缘关系较近。五指山 1 号和五指山 2 号相似性系数为 0.983,五指山 3 号与五指山 1 号和 2 号的

相似性系数相对较低,分别是 0.81 和 0.828,亲缘关系也比较近,五指山 1 号、五指山 2 号及五指山 3 号是课题组在海南五指山不同地点采的样品,均为阿宽蕉类野生蕉。可见这些种质资源的遗传多样性非常丰富,香蕉种质资源的亲缘关系很复杂,而并不是简单的平行关系。

2.4 亲缘关系聚类分析

采用 NTSYSpc 2.10 t 软件对 SRAP 标记统计后的综合结果进行数据分析,建立树状图(图 3)。在相似性系数为 0.49 时,可以将 89 份香蕉种质资源分为六大类群。

第一大类群:主要包括香牙蕉、贡蕉、龙牙蕉、AA 型野蕉,基因型主要为 AAA 型、AAB 型和 AA 型,共 33 份种质资源,在相似性系数为 0.65 处可以将此大类分为四大亚类。第一亚类包括 G30、NK4-1、海贡、贡蕉、河口龙牙(贵妃蕉)、夫人指、1442、漳选 2 号、漳选 8-2、1443、8818、巴西、天宝矮蕉、大蜜舍、泰国、菲律宾、粤优抗 1 号、泰国贡蕉、catas1、佳丽、LF、飞亚(飞亚-25)、粤丰 1 号、catas5、金指、紫茎蕉、金沙香、玫瑰蕉、红研 2 号;第二亚类包括佛手

包括云南牛角蕉; 第二亚类包括矮大蕉、罗坝大蕉、饭芭蕉、三江大蕉、番禺大蕉、广西中把大蕉、封开大蕉、东莞高把大蕉、兴隆酸蕉、木棉蕉、牛芭蕉、中山大蕉、潮州大蕉、海南芭蕉、柴蕉、巴马高把大蕉、五指山 1 号、五指山 2 号、五指山 3 号、防城大蕉、海南牛角蕉、畦头大蕉; 第三亚类包括阿宽野蕉、龙岩野蕉、三明野蕉、云南漾濞、广宁野蕉; 第四亚类包括宾阳野蕉、龙州野蕉; 第五亚类包括盛 2、芭蕉。

第四、五、六类群: 都只包含了 1 份种质资源, 分别是红花蕉、地涌金莲、蝎尾蕉。

3 讨论

香蕉种质资源丰富, 种类品种繁多, 然而由于特殊的生物学特性如多倍体、无性繁殖、营养结实、小染色体等^[18], 使其种质资源的分类及系统学研究一直是个难题。本研究以香牙蕉、龙牙蕉、大蕉、粉蕉和不同类型的野蕉, 基因型主要包括 AA、BB、AAA、AAB、ABB 和 AAAA 等类型的 89 份香蕉种质资源为材料, 运用 SRAP 分子标记技术研究不同香蕉种质资源之间的亲缘关系。由 10 个正向引物和 10 个反向引物两两组合成 100 对引物组合, 从中筛选出 13 对扩增条带易于识别、带型清晰、多态性高的 SRAP 引物, 这 13 对引物在 89 个香蕉种质资源间扩增出 170 条可辨认条带, 其中表现出多态性的带有 140 条, 多态性比率为 79.00%。

在相似性系数为 0.49 时, 可以将这 89 份香蕉种质资源分成六大类, 包括: 香牙蕉、贡蕉、龙牙蕉、AA 型野蕉为主的第一大类 (AAA、AA、AAB 基因型型), 粉大蕉、粉蕉和 BB 型野蕉为主的第二大类 (ABB、BB 基因型), 大蕉、阿宽蕉类野蕉为主的第三大类, 红花蕉、地涌金莲、蝎尾蕉、分别所属的第四、五、六类群, 该方法的分类结果与传统的基于形态的分类结果基本一致, 说明用 SRAP 标记对香蕉种质资源进行分类是可行的。但该研究中发现部分香蕉种质的分类分组并没有与品种的基因组组成一致, 例如, 以巴西为代表的 AAA 型香牙蕉、以贡蕉为代表的 AA 型及以龙牙蕉为代表的 AAB 型聚类群体并不明显, 均分散在第一类。三者遗传上没有太大的差异, 说明栽培类香牙蕉、贡蕉和龙牙蕉具有相同的祖先, 与 AA 基因型野蕉亲缘关系近, 这与宁淑萍等^[20]利用 SSR 技术分析的结果一致。粉

蕉及粉大蕉 (ABB 型) 聚为一类, 可见二者遗传背景相似, 与 BB 基因型的野蕉亲缘关系较近, 但无法明显区别是否含 A 基因组, 这与郭计华^[21]的研究结果相似。不同基因组成的香蕉品种聚到一起, 也说明香蕉品种的亲缘关系可能与起源有关。前人利用细胞遗传学方法^[22]、RFLP 分子标记^[23-24]和 SSR 分子标记^[25-26]方法对香蕉品种资源进行分类分析, 也发现与应用传统 SIMMONDS^[3]分类法命名的基因组型结果不一致。香牙蕉 (AAA)、大蕉 (ABB)、粉蕉 (ABB) 和龙牙蕉 (AAB) 都是根据形态学性状分类而笼统地确定基因组类型, 难免会造成同物异名、同名异物的现象^[27], 也说明使用单一的分类方法无法明确地把香蕉种质区分, 还需要从形态学、细胞学、分子生物学方面作进一步的研究和鉴定。

早期研究认为大蕉基因组为 ABB 或者 BBB, 项目组前期研究发现大蕉倍性值 (或 DNA 相对含量) 平均高于其他 ABB 基因型资源, 而且利用大蕉与长梗蕉人工杂交的后代均为四倍体, 而粉蕉与长梗蕉的杂交后代为三倍体或四倍体^[28], 说明大蕉与 ABB 基因型资源有所差别。但是, 项目组在进行 B 基因组相关的 SCAR 标记的研究中又发现大蕉是含有 A 和 B 基因组的^[29]。在本研究中 21 份大蕉和 10 份阿宽蕉聚到同一类, 说明大蕉和阿宽蕉亲缘关系较近, 但是从整个聚类图中无法看出大蕉是否含有 A 和 B 基因组, 可见, 大蕉的遗传背景及起源比较复杂, 有待进一步研究。

参考文献

- [1] 黄媛媛, 徐小俊. 全球香蕉产业现状与发展趋势[J]. 热带农业工程, 2021, 45(5): 34-38.
HUANG Y Y, XU X J. Current situation and development trend of banana industry in global[J]. Tropical Agricultural Engineering, 2021, 45(5): 34-38. (in Chinese)
- [2] 李伟明, 陈晶晶, 段雅婕, 庞振才, 孙德权, 胡玉林, 胡会刚, 谢江辉, 陈文娜. 香蕉野生种质资源的分类、分布和分子系统发育研究进展[J]. 园艺学报, 2018, 45(9): 1675-1687.
LI W M, CHEN J J, DUAN Y J, PANG Z C, SUN D Q, HU Y L, HU H G, XIE J H, CHEN W N. Research advances on taxonomy, geo-distribution and molecular phylogenetics of wild banana germplasm resources[J]. Acta Horticulturae Sinica, 2018, 45(9): 1675-1687. (in Chinese)
- [3] SIMMONDS N W. The evolution of the bananas[M]. London: Longmans, 1962: 1-12, 170.

- [4] 王静毅, 冀小蕊, 武耀廷. 香蕉品种(系)遗传多样性的 SSR 分析[J]. 安徽农业科学, 2011, 39(10): 5706-5710.
WANG J Y, JI X R, WU Y T. SSR Analysis of the genetic diversity of banana variety (line)[J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2011, 39(10): 5706-5710. (in Chinese)
- [5] 孙嘉曼, 尹玲, 张进忠, 韦绍龙, 李朝生, 刘金成, 卢江. 广西香蕉种质资源的 SSR 分析[J]. 西南农业学报, 2016, 29(8): 1952-1957.
SUN J M, YIN L, ZHANG J Z, WEI S L, LI C S, LIU J C, LU J. SSR analysis of banana cultivars/accessions in Guangxi[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2016, 29(8): 1952-1957. (in Chinese)
- [6] 谭卫萍, 张秋明, 于晓英, 曾继吾, 黄秉智, 易干军. 香蕉种质遗传多样性与亲缘关系的 AFLP 分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(6): 715-720.
TAN W P, ZHANG Q M, YU X Y, ZENG J W, HUANG B Z, YI G J. Studies on the genetic diversity and relationship of banana by AFLP[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2010, 11(6): 715-720. (in Chinese)
- [7] 李英豪. 福建香蕉种质资源遗传多样性的 RAPD 分析[D]. 福州: 福建农林大学, 2007.
LI Y H. RAPD Analysis of genetic diversity of banana germplasm resources in Fujian[D]. Fuzhou: Fujian Agriculture and Forestry University, 2007. (in Chinese)
- [8] 蔺维成, 郭计华. ISSR 技术应用于香蕉种质资源的研究进展[J]. 兴义民族师范学院学报, 2021(3): 116-119.
LIN W C, GUO J H. Research progress of ISSR technology applied to banana germplasm resources[J]. Journal of Xingyi Normal University for Nationalities, 2021(3): 116-119. (in Chinese)
- [9] 漆艳香, 张欣, 彭军, 张贺, 谢艺贤. 香蕉种质资源的 SRAP 遗传多样性分析[J]. 分子植物育种, 2017, 15(10): 4220-4227.
QI Y X, ZHANG X, PENG J, ZHANG H, XIE Y X. Genetic diversity analysis of banana germplasms based on SRAP molecular markers[J]. Molecular Plant Breeding, 2017, 15(10): 4220-4227. (in Chinese)
- [10] 任羽, 王得元, 张银东. 相关序列扩增多态性(SRAP)一种新的分子标记技术[J]. 中国农学通报, 2004(6): 11-13, 22.
REN Y, WANG D Y, ZHANG Y D. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP): a novel technique for molecular marker[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2004(6): 11-13, 22. (in Chinese)
- [11] 肖黎, 马太洋, 李晓玲, 李秀兰, 陈发菊. 22 种木莲属植物亲缘关系的 SRAP 分析(英文)[J]. 西北植物学报, 2011, 31(11): 2178-2184.
XIAO L, MA T Y, LI X L, LI X L, CHEN F J. Analyses of the genetic relationships among 22 species of *Manglietia* plant by SRAP markers[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2011, 31(11): 2178-2184. (in Chinese)
- [12] ANEJA B, YADAV N R, CHAWLA V, YADAV RAM C. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP) molecular marker system and its applications in crop improvement[J]. Molecular Breeding, 2012, 30(4): 1635-1648.
- [13] 张鲁杰, 郭照东, 房文秀, 夏秀英. 蓝莓品种的 SRAP 遗传多样性分析及品种鉴别[J]. 分子植物育种, 2015, 13(12): 2794-2802.
ZHANG L J, GUO Z D, FANG W X, XIA X Y. Genetic diversity analysis and cultivar identification of blueberry (*Vaccinium* spp.) using SRAP marker[J]. Molecular Plant Breeding, 2015, 13(12): 2794-2802. (in Chinese)
- [14] 齐丹. 梨种质变异的 SRAP 和 EST-SSR 分析[D]. 北京: 中国农业科学院, 2013.
QI D. SRAP and EST-SSR analysis of pear germplasm variation[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2013. (in Chinese)
- [15] 张君玉. 利用 SSR 和 SRAP 分子标记构建葡萄核心种质[D]. 洛阳: 河南科技大学, 2012.
ZHANG J Y. Construction of grape core germplasm using SSR and SRAP molecular markers[D]. Luoyang: Henan University of Science and Technology, 2012. (in Chinese)
- [16] 巴巧瑞, 赵政阳, 高华, 王艳丽, 孙彪. 基于 SSR 和 SRAP 标记的苹果品种亲缘关系分析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2011, 39(9): 123-128.
BA Q R, ZHAO Z Y, GAO H, WANG Y L, SUN B. Genetic relationship analysis of apple cultivars with SSR and SRAP markers[J]. Journal of Northwest Agriculture and Forestry University (Natural Science Edition), 2011, 39(9): 123-128. (in Chinese)
- [17] 窦美安, 邱文武, 吴青松, 孙伟生. 菠萝遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 果树学报, 2010, 27(6): 930-937.
DOU M A, QIU W W, WU Q S, SUN W S. Genetic diversity analysis on pineapple by SRAP markers[J]. Journal of Fruit Science, 2010, 27(6): 930-937. (in Chinese)
- [18] 谢子四, 刘德兵, 魏守兴, 陈业渊, 谢建吉, 魏军亚. 29 个香蕉基因型遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 西北植物学报, 2012, 32(8): 1547-1552.
XIE Z S, LIU D B, WEI S X, CHEN Y Y, XIE J J, WEI J Y. Analysis of genetic diversity of 29 banana genotypes by SRAP[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2012, 32(8): 1547-1552. (in Chinese)
- [19] PATERSON A H, BRUBAKER C, WENDEL J F. A rapid method for extraction of cotton (*Gossypium* spp.) genomic DNA suitable for RFLP or PCR analysis[J]. Plant Molecular Biology Reporter, 1993, 11: 122-127.

- [20] 宁淑萍, 许林兵, 魏平, 葛学军. 中国主栽香蕉品种和 INIBAP 引进品种的 SSR 分析研究[J]. 热带亚热带植物学报, 2007(1): 16-22.
- NING S P, XU L B, WEI P, GE X J. Genetic diversity of Chinese main banana cultivars (*Musa* spp.) and introduced accessions from INIBAP using simple sequence repeats (SSRs)[J]. Journal of Tropical and Subtropical Botany, 2007(1): 16-22. (in Chinese)
- [21] 郭计华. 不同基因组类型香蕉抗旱的遗传物质分析[D]. 海口: 海南大学, 2012.
- GUO J H. Genetic material analysis of drought resistance in banana of different genome types[D]. Haikou: Hainan University, 2012. (in Chinese)
- [22] WANG Z X, LIN Z P, PAN K G. Cytogenetical studies in *Musa* (Eumusa)[J]. Acta Genetica Sinica, 1994, 60(21): 453-462.
- [23] JARRET R L. Molecular methods for detecting genetic diversity in *Musa*[J]. Identification of Genetic Science, 1990, 31(1): 127-129.
- [24] GAWEL N J, JARRET R L, WHIREMORE A P. Restriction fragment length polymorphism (RFLP) based on phylogenetic analysis in *Musa*[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1992, 84: 286-290.
- [25] CRESTE S, TULMANN NETO A, DE OLIVEIRA SILVA S, FIGUEIRA A. Genetic characterization of banana cultivars (*Musa* spp.) from Brazil using microsatellite markers[J]. Euphytica, 2003, 132: 259-268.
- [26] CRESTE S, TULMANN NETO A, VENCOSKY R, DE OLIVEIRA SILVA S, FIGUEIRA A. Genetic diversity of *Musa* diploid and triploid accessions from the Brazilian banana breeding program estimated by microsatellite markers[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2004, 51: 723-733.
- [27] 姚锦爱, 蔡鸿娇, 石姐姐, 甘林, 杨秀娟, 陈福如. 香蕉种质资源亲缘关系的 ISSR 分析[J]. 福建农业学报, 2012, 27(1): 37-42.
- YAO J A, CAI H J, SHI N N, GAN L, YANG X J, CHEN F R. Genetic relationship among banana (*Musa* spp.) germplasms revealed by ISSR analysis[J]. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2012, 27(1): 37-42. (in Chinese)
- [28] 吕顺, 任毅, 王芳, 胡桂兵, 黄秉智, 刘文清, 何建齐, 刘建平, 曾莉莎, 周建坤, 麦景郁, 张珂恒. 利用流式细胞术快速鉴定 169 份香蕉种质资源的染色体倍性[J]. 果树学报, 2018, 35(6): 668-684.
- LYU S, REN Y, WANG F, HU G B, HUANG B Z, LIU W Q, HE J Q, LIU J P, ZENG L S, ZHOU J K, MAI J Y, ZHANG K H. Ploidy identification of 169 *Musa* germplasms by flow cytometry[J]. Journal of Fruit Science, 2018, 35(6): 668-684. (in Chinese)
- [29] 王芳, 牛玉清, 黄秉智, 崔广娟, 张珂恒, 曾莉莎, 刘文清, 吕顺, 郭权香, 何建齐. 香蕉与 B 基因组相关的 SCAR 标记研究[J]. 园艺学报, 2019, 46(3): 577-589.
- WANG F, NIU Y Q, HUANG B Z, CUI G J, ZHANG K H, ZENG L S, LIU W Q, LYU S, GUO Q X, HE J Q. Studies on SCAR marker related with B genome in *Musa*[J]. Acta Horticulturae Sinica, 2019, 46(3): 577-589. (in Chinese)