

# 基于农艺性状的山西普通菜豆初级核心种质构建

郝晓鹏, 王 燕, 田 翔, 郜 欣, 畅建武

(山西省农业科学院农作物品种资源研究所/农业部黄土高原作物基因资源与种质创制重点实验室/  
杂粮种质资源发掘与遗传改良山西省重点实验室, 太原 030031)

**摘要:** 利用 663 份山西省普通菜豆资源基于 14 个农艺性状, 采用比较不同分组原则、取样比例和总体取样量不同组合的取样方法, 确定了“地理来源 + 平方根比例 + 20% 总体取样量”为山西省初级核心种质构建的方法。同时, 在此基础上对 663 份资源中一些具有极端性状的资源进行选择, 最终确定 152 份普通菜豆可作为山西省普通菜豆初级核心种质。通过总体与初级核心种质资源多样性分析, 数量性状均值比较, 数量性状极值、变幅和标准差比较, 性状多样性的差异性分析和各性状总体分布的  $\chi^2$  检验, 最终得出: 152 份普通菜豆资源能够代表山西省普通菜豆资源的总体, 可作为山西省普通菜豆评价和创新利用的优先样品集。

**关键词:** 普通菜豆; 初级核心种质; 农艺性状; 种质资源; 遗传多样性

## Construction of Primary Core Collection of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Based on Agronomic Traits in Shanxi Province

HAO Xiao-peng, WANG Yan, TIAN Xiang, GAO Xin, CHANG Jian-wu

(Institute of Crop Germplasm Resources, Shanxi Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Crop Gene Resources  
and Germplasm Enhancement on Loess Plateau, Ministry of Agriculture/Shanxi Key Laboratory of  
Genetic Resources and Genetic Improvement of Minor Crops, Taiyuan 030031)

**Abstract:** Based on 14 agronomic traits, the information of 663 germplasm resources of common bean stored in Shanxi Gene Bank were used to construct the primary core collections. In this paper, the different combinations of grouping rules, sampling proportion and total sampling amount were compared. As a result, the combination of geographical origins, proportions of square root and 20 percent of total sampling amount was used. Meanwhile, the germplasm resources including extreme characters were selected and eventually 152 common beans were confirmed as the primary core collections of Shanxi germplasm resources of common bean. By means of the diversity analysis, comparison of means, extreme value, variable amplitude and standard deviation of quantitative traits, difference analysis of character diversity, as well as chi-square test of total distribution between total germplasm resources and primary core collections, the result showed that 152 common beans could represent the total common beans of Shanxi Gene Bank and be used as the preferential studying objects of evaluation, improvement and usage.

**Key words:** common bean; primary core collection; agronomic traits; germplasm resources; genetic diversity

普通菜豆 (*Phaseolus vulgaris* L.,  $2n = 22$ ) 为豆科 (Leguminosae) 蝶形花亚科 (Papilionoideae) 一年生植物, 起源于美洲大陆, 我国为次生多样性中心。

普通菜豆为仅次于大豆的食用豆类作物, 其富含蛋白质且兼具粮用、菜用和饲用功能, 在我国种植业当中占有重要比例<sup>[1-2]</sup>。

收稿日期: 2015-11-19 修回日期: 2016-01-27 网络出版日期: 2016-08-12

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20160812.1316.030.html>

基金项目: 山西省青年科技研究基金项目 (2013021024-5); 现代农业产业技术体系 (CARS-09); 山西省农业科学院院育种基础项目 (Yyzjc1519)

第一作者研究方向为食用豆种质资源的评价和创新利用。E-mail: hxp9802@163.com

通信作者: 畅建武, 主要从事食用豆种质资源的收集、鉴定和育种工作。E-mail: changjianw2005@163.com

核心种质(core collection)是指能以最少的重复代表一个种及野生近缘种的形态特征、地理分布、基因与基因型最大范围的遗传多样性,可作为有利基因发掘、新技术应用和资源深入研究的优先样品,能够提高种质资源的利用效率<sup>[3]</sup>。自 O. H. Frankel 等<sup>[4]</sup>提出这一概念以后,国内外学者均开展了对不同作物的核心种质构建,同时提出了许多构建理论和方法。如李自超等<sup>[5]</sup>对中国地方稻进行了初级核心种质构建,并最终确定了 4000 份材料(占总体的 8%)作为中国地方稻初级核心种质;胡兴雨等<sup>[6]</sup>采用比例法取样、离差平方和法聚类分析确定了 780 份资源作为中国黍稷初级核心种质,并使用特征值比较、特征值符合度检验和多样性指数  $t$  检验对初选核心种质进行综合评价,成功构建了占总体取样量 9.73% 的初选核心种质;刘长友等<sup>[7]</sup>利用国家种质资源库的 5072 份资源构建了包含 719 份绿豆在内的初级核心种质,并得出聚类取样优于随机取样,性状群分组优于按省份分组的结论。此外在小豆<sup>[8]</sup>、饭豆<sup>[9]</sup>、大豆<sup>[10]</sup>、玉米<sup>[11]</sup>、杏<sup>[12]</sup>、欧洲葡萄<sup>[13]</sup>、木薯<sup>[14]</sup>、水稻<sup>[15]</sup>等作物均有关于核心种质构建的相关报道。有关普通菜豆核心种质研究已有相关报道,张赤红等<sup>[16]</sup>利用我国现有的 4029 份普通菜豆资源的 14 个农艺性状数据,采用随机取样和系统取样进行了我国普通菜豆初级核心种质构建,最终选取了 400 份资源作为初选核心种质;J. Tohme 等<sup>[4]</sup>对国际热带农业中心的普通菜豆资源基于农业生态数据、生长习性和子粒大小颜色等资料进行了核心种质构建。尽管已有上述相关报道,但张赤红等<sup>[16]</sup>在核心种质构建中仅以省份作为分组原则,总体取样量也是人为确定的 10% 作为取样量,这样确定分组原则和总体取样量是否是最佳选择有待研究;而 J. Tohme 等<sup>[4]</sup>在构建核心种质中由于数据量有限,在构建较大资源量时还可以适用,但在资源量较少、多样性丰富程度低的核心种质构建中,如针对某一地区、省份则未必可行。

山西省普通菜豆种质资源丰富,为我国普通菜豆种质资源的主要来源地,占我国资源总量的 27.5%<sup>[17-18]</sup>。现阶段山西省农业科学院农作物品种资源研究所保存有编目入库普通菜豆种质资源 700 余份,为普通菜豆资源的创新利用提供了基础材料。由于近年来种质资源的不断增加,给山西省普通菜豆种质资源的保存、研究和创新利用带来一些困难。因此,需要针对山西省普通菜豆资源进行初级核心种质构建。

本研究利用已经编目出版的山西省种质库内保

存的 663 份普通菜豆农艺性状数据<sup>[19-21]</sup>,通过不同取样策略和初选评价指标,构建初级核心种质。通过上述研究,不仅可以筛选出一批优先保护的核心样品集,增加了资源保护的目的地性,而且可以利用这些核心种质优先进行普通菜豆资源的研究和创新利用,并最终为山西省普通菜豆种质资源研究、优良普通菜豆亲本材料的选择、新品种选育等提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

通过整理山西省种质库内普通菜豆编目入库资源,确定以 663 份普通菜豆资源作为本研究初级核心种质构建的原始样品集。663 份资源来源于中国山西、陕西、内蒙古、西藏和法国,分别为:中国山西省 475 份、中国陕西省 175 份、中国内蒙古 7 份、中国西藏 1 份、法国 5 份。

### 1.2 方法

**1.2.1 数据来源及标准化** 663 份普通菜豆资源的农艺性状数据均来自《中国食用豆类品种资源目录 第一、二、三集》。所利用的 14 个性状包括:生育期、生长习性、花色、株高、分枝数、单株荚数、单荚粒数、单株产量、结荚习性、荚色、荚长、粒色、粒形和百粒重。同时参考《普通菜豆种质资源描述规范和数据标准》(2006)进行质量性状的标准化(表 1)<sup>[22]</sup>,其中某一种质花色和荚色性状的缺失数据赋值为 0 级;数量性状质量化则以 0.58 为间距分为 10 级( $\delta$  为某一性状所有数据的标准差),即 1 级  $< X - 2\delta$ , 10 级  $\geq X + 2\delta$ ,其中株高、分枝数、单株荚数和单株产量性状的部分种质有缺失数据,用 0 级表示。

**1.2.2 分组原则** 分组原则按照生长习性—花色、ward' 欧氏距离平方聚类、农业综合区划、行政区划和不分组 5 种原则进行。其中,生长习性—花色法分为 18 组;ward' 欧氏距离平方聚类法分为 15 组;农业综合区划法分为 8 组;行政区划法分为 24 组。

**1.2.3 取样比例** 组内取样比例采取简单比例、多样性指数比例、对数比例和平方根比例进行取样;总体取样比例(取样量)为 5%、10%、15%、20% 和 25% 5 个取样量,用以考察不同总体取样比例对核心种质取样的影响。

**1.2.4 取样方法** 随机组内取样,3 次重复,以保证数据的可靠性。通过分组原则、取样比例和不分组取样组合共形成 17 种取样方法,并结合 5 个总体取样比例和 3 次重复取样,最终形成 255 个候选初级核心种质样品集。

表 1 普通菜豆质量性状赋值

Table 1 Value assignment for quality traits in common bean

类别	赋值
Classified types	Value assignment
生长习性	蔓生 = 1 直立 = 2 半蔓生 = 3
花色	白 = 1 浅红 = 2 浅紫 = 3 紫 = 4 紫红 = 5 淡紫 = 6
结荚习性	无限 = 1 有限 = 2
荚色	黄白 = 1 褐 = 2 白 = 3 粉白 = 4 花纹 = 5 紫 = 6 黄 = 7 浅褐 = 8
粒色	红 = 1 紫红 = 2 黄 = 3 褐 = 4 黑 = 5 花纹 = 6 双色 = 7 花斑 = 8 白 = 9 蓝 = 10
粒形	椭圆 = 1 肾形 = 2 卵圆 = 3 圆 = 4

**1.2.5 评价指标** 评价核心种质构建的 6 个指标为:变异系数(CV)、多样性指数(I)、表型保留比(RPR)、表型方差(VPV)、表型最大离差(Dmax)和表型最小离差(Dmin),用以检验初级核心种质,确定最佳核心种质构建方法<sup>[23]</sup>。采用 *t* 检验进行核心种质和总体的均值差异显著性分析;采用非参数检验的总体分布的 $\chi^2$ 检验进行各性状核心种质频度与总体频度的差异显著性分析<sup>[24]</sup>;采用 Hutcheson 提出的 *t* 值,进行 Shannon-Weiner 多样性指数比较<sup>[6]</sup>。

2 结果与分析

2.1 初级核心种质构建方法的确定

**2.1.1 总体取样量比较** 5 个总体取样量下,6 个指标不同分组原则和取样比例均值的秩排序情况见表 2。由表 2 可知,从多样性指数和表型方差分析,各总体取样量秩排序由高到低为 25%、20%、15%、10% 和 5%;从最大和最小表型离差分析,除 20% 和 25% 二者秩排序不同外,其余三者总体取样量排序一致;尽管秩次平均排序为 25% 取样量最高(1.8),表型保留比也最大(95.1%),但二者与 20% 取样量秩次排序(1.9)和表型保留比(94.0%)差异均不大(相差 0.1 和 1.1%)。依据核心种质最小资源量最大程度代表总体的构建原则,因此选择 20% 作为构建本初级核心种质的总体取样量。

**2.1.2 分组原则比较** 不同分组原则下,6 个指标不同取样比例和 20% 取样量均值的秩排序情况见表 3。由表 3 可知,从多样性指数和表型方差来看,二者秩次排序由高到低均为:生长习性—花色、地理来源、ward's 聚类、农业综合区划、不分组;从最大表型离差分析,ward's 聚类秩次排序最高,地理来源其

表 2 5 个总体取样量各指标秩排序比较

Table 2 Rank sorting contrast of different index in five total sampling amount

总体取 样量(%)	变异	多样性	最大	最小	表型	秩次	表型
Total	系数	指数	表型	表型	方差	平均	保留比
sampling	CV	I	离差	离差	VPV	Rank of	(%)
amount			Dmax	Dmin		average	RPR
5	5	5	5	5	5	5.0	81.1
10	2.5	4	4	4	4	3.7	89.6
15	1	3	3	3	3	2.6	92.5
20	2.5	2	1	2	2	1.9	94.0
25	4	1	2	1	1	1.8	95.1

秩排序值越小(越高),表明该总体取样量确定的初级核心种质能较好的代表总体,下同

A lower value of rank sorting means that the primary core collections decided by the total sampling amount can represent the totals more suitably, the same as below

次,最小表型离差则为不分组排序最高、ward's 聚类其次;从表型保留比和变异系数分析,农业综合区划和地理来源秩次排序分别为最高和第二,生长习性—花色排序均为最低。通过各分组原则秩次排序平均可知:地理来源秩次排序为最高。因此,将地理来源作为分组原则的最优方法。

**2.1.3 取样比例比较** 不同取样比例条件下,6 个指标不同分组原则和 20% 取样量均值的秩排序情况见表 4。由表 4 可知,多样性指数和表型方差秩排序由高到低为:多样性比例、对数比例、平方根比例、简单比例、随机取样;表型保留比、最大表型离差均为平方根比例排名最高,变异系数和最大表型离差均为简单比例排名最低;从秩次平均可知,组内取

表 3 5 个分组原则各指标秩排序比较

Table 3 Rank sorting contrast of different index in five grouping principles

类别	表型保留比	变异系数	多样性指数	最大表型离差	最小表型离差	表型方差	秩次平均
Classified types	RPR	CV	I	Dmax	Dmin	VPV	Rank of average
生长习性—花色	5	5	1	5	5	1	3.7
ward's 聚类	3.5	4	3	1	2	3	2.8
农业综合区划	1	1	4	3.5	4	4	2.9
地理来源*	2	2	2	2	3	2	2.2
不分组	3.5	3	5	3.5	1	5	3.5

\*:不同国家、省份和地区

\*:Represent different country, province and district.

表 4 5 个组内取样比例各指标秩排序比较

Table 4 Rank sorting contrast of different index in five sampling proportions within group

类别	表型保留比	变异系数	多样性指数	最大表型离差	最小表型离差	表型方差	秩次平均
Classified types	RPR	CV	I	Dmax	Dmin	VPV	Rank of average
简单比例	4	5	4	5	2.5	4	4.1
多样性比例	5	1.5	1	2	5	1	2.6
对数比例	3	1.5	2	4	4	2	2.8
平方根比例	1	3	3	1	2.5	3	2.3
随机取样	2	4	5	3	1	5	3.3

样比例以平方根比例的秩次排序最高(2.3),而简单比例排名最低(4.1)。因此,最终选择平方根比例作为取样比例最优方案。通过上述分组原则、取样比例和总体取样量的比较分析,最终确定地理来源+平方根比例+20%总体取样量作为构建山西省初级核心种质的取样方法。

## 2.2 初级核心种质构建

在取样方法确定的基础上,首先利用地理来源+平方根比例+20%总体取样量一次随机初选出133份初级核心种质资源;其次,通过利用133份资源与候选库进行对比,选取14个具有特殊性状但未选入的种质资源补充进入133份资源中,最终确定152份菜豆资源作为山西省初级核心种质的主要资源本底,其取样量占到总体取样量的22.9%。山西普通菜豆初级核心种质编号和全国统一编号目录见表5。

由152份初级核心种质和资源总体各评价指标比较可知,初级核心种质较总体的变异系数(0.513,0.487)、多样性指数(1.561,1.520)均大,这反映了初级核心种质内资源的差异性更大,种质类型更多样。由于初级核心种质本身是通过在总体当中选择差异性大,能够代表总体的最小资源量,因此必然导致其内部各种质资源间异质性更强、多样

性更丰富;初级核心种质表型保留比为100%、最大(小)表型离差均为0,与资源总体各指标一样,这反映了样本与总体的一致性较好。因此,可以初步确定152份普通菜豆作为山西省普通菜豆资源的核心样品集。

## 2.3 初级核心种质评价

### 2.3.1 总体与初级核心种质资源多样性分析

该多样性分析主要指资源的数量以及基于多样性指数的资源丰富度和均匀度的综合度量。通过对总体与初级核心种质的不同来源地多样性比较分析,能够从一定程度上了解初级核心种质的资源类型及与总体的差异。由表6可知,山西省普通菜豆来源于中国的5个不同的省份和法国,其中位于我国黄土高原地区的山西和陕西省的普通菜豆资源最为丰富,占到资源总量的98%;从各来源地总体和核心种质数量来看,总体资源量越多,其核心种质资源量也越多,但所占比例则呈现相反的趋势;从总体和核心种质多样性指数分析,除山西省核心种质多样性指数(1.418)大于其总体多样性指数外,其余来源地均为核心种质多样性指数小于或等于总体多样性指数,这是由于随着资源量增大资源丰富性和异质性增强,更容易获得多样性较高的核心种质。



表 5 山西省普通菜豆初级核心种质编号和全国统一编号目录

Table 5 Catalogue of germplasm number and national unified number of primary core collection of common bean in Shanxi province

种质编号 Germplasm number	全国统一编号 National unified number	种质编号 Germplasm number	全国统一编号 National unified number	种质编号 Germplasm number	全国统一编号 National unified number	种质编号 Germplasm number	全国统一编号 National unified number
C1	F0001384	C39	F0000038	C77	F0001156	C115	F0001980
C2	F0001636	C40	F0000075	C78	F0001182	C116	F0001984
C3	F0001390	C41	F0000069	C79	F0001190	C117	F0001985
C4	F0001428	C42	F0000012	C80	F0001192	C118	F0002045
C5	F0001633	C43	F0000014	C81	F0001203	C119	F0002057
C6	F0001377	C44	F0001520	C82	F0001231	C120	F0002059
C7	F0001641	C45	F0001610	C83	F0001233	C121	F0002078
C8	F0001487	C46	F0001616	C84	F0001252	C122	F0002079
C9	F0001486	C47	F0001553	C85	F0001269	C123	F0002093
C10	F0001644	C48	F0000081	C86	F0001271	C124	F0002207
C11	F0001693	C49	F0001331	C87	F0001277	C125	F0002223
C12	F0001558	C50	F0001346	C88	F0001289	C126	F0002226
C13	F0001474	C51	F0001355	C89	F0001300	C127	F0003502
C14	F0001707	C52	F0001479	C90	F0001323	C128	F0001318
C15	F0001626	C53	F0001498	C91	F0001336	C129	F0001542
C16	F0001369	C54	F0001514	C92	F0001358	C130	F0001567
C17	F0001373	C55	F0001525	C93	F0001364	C131	F0001684
C18	F0001694	C56	F0001528	C94	F0001400	C132	F0001696
C19	F0001345	C57	F0001536	C95	F0001407	C133	F0000099
C20	F0001600	C58	F0001592	C96	F0001445	C134	F0001145
C21	F0001472	C59	F0001667	C97	F0001540	C135	F0001184
C22	F0001676	C60	F0002221	C98	F0001571	C136	F0001193
C23	F0001293	C61	F0002228	C99	F0001580	C137	F0000078
C24	F0002206	C62	F0000062	C100	F0001666	C138	F0002230
C25	F0001688	C63	F0000076	C101	F0001703	C139	F0001116
C26	F0001301	C64	F0000085	C102	F0001715	C140	F0001122
C27	F0001613	C65	F0000092	C103	F0001721	C141	F0001123
C28	F0001512	C66	F0001073	C104	F0001729	C142	F0001127
C29	F0001410	C67	F0001079	C105	F0001733	C143	F0001147
C30	F0001337	C68	F0001080	C106	F0001928	C144	F0001149
C31	F0001339	C69	F0001086	C107	F0001929	C145	F0001174
C32	F0001574	C70	F0001088	C108	F0001930	C146	F0001458
C33	F0000091	C71	F0001091	C109	F0001931	C147	F0001942
C34	F0001321	C72	F0001097	C110	F0001939	C148	F0001952
C35	F0001304	C73	F0001124	C111	F0001940	C149	F0002036
C36	F0000019	C74	F0001128	C112	F0001943	C150	F0000039
C37	F0000004	C75	F0001129	C113	F0001947	C151	F0001691
C38	F0000056	C76	F0001151	C114	F0001977	C152	F0001956

全国统一编号可于《中国食用豆类品种资源目录》中查询

National unified number can be checked in the catalogue of germplasm resources of Chinese food legumes

表 6 不同来源地山西省普通菜豆总体与初级核心种质数量及其多样性指数比较

Table 6 Contrast of number and diversity index in different origins between primary core collection and totals of common bean in Shanxi province

地理来源 Geographic origin	总体 Totals	初级核心种质 Primary core collection	所占比例(%) Proportion	总体多样性指数 Diversity index of totals	核心种质多样性指数 Diversity index of primary core collection
中国山西	475	92	19.4	1.397	1.418
中国陕西	175	51	29.1	1.306	1.293
中国内蒙古	7	5	71.4	0.877	0.828
中国西藏	1	1	100	0	0
法国	5	3	60	0.747	0.599
合计	663	152	22.9	1.520	1.561

### 2.3.2 总体与初级核心种质数量性状均值比较

总体与初级核心种质数量性状的均值比较和基于  $t$  检验的差异显著性分析,能够从均值上反映总体与核心种质的差异性,明确核心种质构建的代表性高低。由表 7 可知, $t$  检验的差异性分析表明,除株高核心种质平均值较总体平均值差异显著外( $t = -2.267$ ,  $p = 0.025$ ),其他 7 个性状差异均不显著,初级核心种质各数量性状均能够代表总体。根据株高均值总体大于核心种质,可适当增加高株高的资源数量,从而使核心种质样本能够代表总体。

表 7 总体与初级核心种质数量性状均值比较

Table 7 Contrast of mean of quantitative traits between totals and primary core collection

性状 Traits	初级核心种质平均值 Average of primary core collection	总体平均值 Average of totals	$t$ 值 $t$ value	$P$ 值 $P$ value
生育期(d)	115	117	-1.107	0.270
株高(cm)	133.6	155.0	-2.267	0.025*
单株分枝数	3.4	3.3	0.577	0.564
单株荚数	34.0	34.8	-0.313	0.755
单荚粒数	5.2	5.3	-1.047	0.297
单株产量(g)	46.8	49.2	-0.655	0.514
荚长(cm)	10.4	10.1	0.591	0.555
百粒重(g)	29.2	29.1	0.077	0.938

\* 表示总体与初级核心种质数量性状均值差异达到显著水平,下同

\* shows that difference is significant between totals and primary core collections at 0.05 level, the same as below

**2.3.3 总体与初级核心种质数量性状极值、变幅和标准差比较** 极值和变幅的比较能够反映核心种质是否将总体的极端值选入;标准差则反映了一组数

据的离散程度。由表 8 可知,总体和初级核心种质的最大值、最小值和极差均一致,说明核心种质已经将总体当中的具有极端性状的种质资源选择;从各性状标准差数值大小可以看出,初级核心种质各性状标准差均大于总体,这说明初级核心种质较之总体各种质之间异质性更强,性状差异更明显,这与核心种质具有最少的重复和较强的代表性的特点有关。

**2.3.4 总体与初级核心种质 14 个性状多样性的差异性比较** 总体与初级核心种质多样性指数的  $t$  检验,能够从资源的丰富度和资源分布的均匀度方面综合反映核心种质与总体的差异性,核心种质与总体差异不显著或者高于总体可认为其能够代表总体。由表 9 可知,核心种质各性状多样性指数与总体相比较,除荚色外均未达到差异显著,此外生长习性、生育期、花色、单株荚数、单株产量、结荚习性、荚长和百粒重为核心种质多样性指数高于总体多样性指数,而株高、单株分枝数、单荚粒数、粒色和粒形为核心种质多样性指数低于总体多样性指数,核心种质荚色的多样性指数高于总体多样性指数且差异显著,这说明荚色这一性状的所选核心种质较总体多样性丰富、异质性更强。

**2.3.5 总体与初级核心种质各性状总体分布的  $\chi^2$  检验** 总体与初级核心种质各性状总体分布的  $\chi^2$  检验能够从频度分布上反映初级核心种质与总体的一致性。该方法与多样性差异性分析相结合,可用于评价初级核心种质构建成功与否。由表 10 可知,总体与初级核心种质各性状频度分布的  $\chi^2$  检验结果为:除株高和荚色性状分别表现为差异显著( $P < 0.05$ )和差异极显著( $P < 0.01$ )外,其余 12 个性状均为差异不显著。因此,在株高和荚色方面总体与样本性状的频度分布不一致,但由表 9 可知,在

表 8 总体与初级核心种质数量性状极值、变幅和标准差比较

Table 8 Contrast of extreme value, variable amplitude and standard deviation between totals and primary core collection

性状 Traits	初级核心种质 Primary core collection				总体 Totals			
	最大值	最小值	极差	标准差	最大值	最小值	极差	标准差
	Max.	Min.	Range	SD	Max.	Min.	Range	SD
生育期(d)	160	78	82	18.3	160	78	82	17.2
株高(cm)	390	17	373	116.3	390	17	373	111.9
单株分枝数	30	0.4	29.6	3.0	30	0.4	29.6	2.2
单株荚数	307.5	2	305.5	32.9	307.5	2	305.5	25.6
单荚粒数	9.7	2.2	7.5	1.2	9.7	2.2	7.5	1.1
单株产量(g)	469.8	5.3	464.5	45.0	469.8	5.3	464.5	35.9
荚长(cm)	88.3	3.2	85.1	6.9	88.3	3.2	85.1	3.9
百粒重(g)	84.2	11.5	72.7	10.7	84.2	11.5	72.7	9.8

表 9 总体与初级核心种质 14 个农艺性状多样性指数比较

Table 9 Contrast of diversity index of 14 agricultural traits between totals and primary core collection

性状 Traits	初级核心 种质多样性 Diversity of primary core collection	总体 多样性 Diversity of totals	<i>t</i> 值 <i>t</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value
生长习性	0.781	0.694	1.273	0.204
生育期	2.045	2.004	0.733	0.464
花色	1.448	1.408	0.506	0.613
株高	2.019	2.030	-0.192	0.848
单株分枝数	2.108	2.119	-0.209	0.835
单株荚数	1.876	1.839	0.561	0.575
单荚粒数	2.080	2.083	-0.055	0.956
单株产量	1.914	1.885	0.493	0.622
结荚习性	0.414	0.362	0.915	0.361
荚色	1.216	0.981	2.317	0.021 *
荚长	0.962	0.865	1.269	0.206
粒色	2.143	2.162	-0.419	0.676
粒形	0.848	0.868	-0.275	0.784
百粒重	1.995	1.986	0.165	0.869

荚色性状中,初级核心种质多样性指数(1.216)高于总体多样性指数(0.981),尽管频度分布不一致,但多样性丰富,可以代表资源总体。因此,仅需在株高方面增加一些资源类型。综上所述,通过本研究筛选的 152 份普通菜豆资源基本能够代表山西省普通菜豆资源的总体。

表 10 总体与初级核心种质各性状总体分布的 $\chi^2$ 检验

Table 10 Chi-square test of total distribution of 14 agricultural traits between totals and primary core collection

性状 Traits	级数 Grade	$\chi^2$ 值 $\chi^2$ value	<i>v</i> 值 <i>v</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value
生长习性	3	2.042	2	0.360
生育期	10	11.137	9	0.266
花色	7	5.746	6	0.452
株高	10	17.879	9	0.037 *
单株分枝数	10	7.380	9	0.598
单株荚数	9	13.292	8	0.102
单荚粒数	10	10.452	9	0.315
单株产量	9	10.345	8	0.242
结荚习性	2	1.064	1	0.302
荚色	9	20.896	8	0.007 **
荚长	6	10.802	5	0.055
粒色	10	7.149	9	0.622
粒形	4	0.661	3	0.882
百粒重(g)	9	6.482	8	0.593

\*\* 表示总体与初级核心种质数量性状均值差异达到 0.01 极显著水平

\*\* shows that difference is significant between totals and primary core collections at 0.01 level

### 3 讨论

普通菜豆为世界重要的粮用和菜用豆类作物,起源于中北美洲,在我国主要分布于东北地区、陕西山西等黄土高原地区和云南贵州高原等地。中国作

为普通菜豆的多样性次生中心,其资源类型多样,种质资源非常丰富,现阶段编目入库资源达 4500 余份。由于大量的资源编目入库,同样给资源的保存和创新利用带来困难,因此,需要开展核心种质构建工作。本研究针对山西省种质资源库保存的 663 份普通菜豆资源进行核心种质构建,通过筛选核心种质,缩小了研究范围,明确了研究重点。

### 3.1 评价手段的选择

合理的评价可以保证筛选的核心种质具有较高的代表性,而评价手段的合理选择显得尤为重要。初级核心种质构建质量的评价包括评价指标和评价方法两个方面。其中,评价指标主要包括:变异系数、多样性指数、表型保留比、表型方差和表型最大最小离差;评价方法主要通过均值  $t$  检验、 $\chi^2$  检验、极值、变幅、标准差比较和多样性指数  $t$  检验等方法进行<sup>[4]</sup>。从已发表的核心种质研究论文可以看出,表型保留比、变异系数、多样性指数、表型方差、 $\chi^2$  检验和多样性指数的  $t$  检验使用频率较高<sup>[4-6,8,23,25]</sup>,而性状保留比、极差符合率、方差差异百分率、表型相关分析和  $F$  检验等则在不同的研究对象中选择使用<sup>[12,24-26]</sup>。因此,在评价手段的选择当中,可首先选择普遍采用的评价手段,其次则应根据研究对象、总体资源量大小和资源的多样性程度来确定。本研究采用使用频率较高的评价手段进行核心种质评价,评价效果较好,各评价手段结果具有较好的一致性,筛选的核心种质基本能够代表山西省普通菜豆资源总体。

### 3.2 取样比例的确定

核心种质取样比例应依据总体资源量的大小来确定,总体资源量较多其核心种质比例可以小一些,而总体资源群体较少,则需要增大核心种质资源量<sup>[5]</sup>。H. K. Chung 等<sup>[27]</sup>从 10368 份水稻资源中筛选出 107 份核心种质,仅占总体资源的 1%;黎裕等<sup>[28]</sup>对 16779 份中国玉米地方品种和自交系进行核心种质构建,其核心种质仅占总体资源量的 7%;李自超等<sup>[5]</sup>构建的中国地方稻核心种质为总体资源的 8%;陈雨等<sup>[25]</sup>对 217 份野生稻进行核心种质筛选,最终筛选出 43 份资源,占总体的 20%;张永兵等<sup>[29]</sup>选取了占总体 25% 的 30 份甜瓜,构建了新疆甜瓜地方品种资源核心种质。从上述结果来看,前三者构建核心种质所用总体资源量较大,构建的核心种质所占总体比例较小,而后两者则总体资源量较小,构建所占总体比例较大,这与李自超等<sup>[5]</sup>结论基本一致。

本研究中,核心资源取样比例占到总体取样量的 22.9%,共计 152 份资源。通过补充特异资源,

核心种质表型保留比达到 100%,基本能够代表 663 份山西省普通菜豆的各种资源类型,同样也符合核心种质构建取样比例的基本原则<sup>[5]</sup>。

### 3.3 初级核心种质构建的数据来源

初级核心种质构建的数据来源主要有以农艺性状为基础的表型数据<sup>[10,12,30-32]</sup>和以 AFLP、SSR、ISSR 和 SNP 等分子标记为基础的基因水平数据<sup>[33-36]</sup>。由于农艺性状是作物在田间的直观表现,可以直接反映不同品种的特点且已经积累一定数据,因此可以优先使用构建初级核心种质<sup>[5]</sup>。尽管农艺性状可以优先用于核心种质构建,然而由于其无法区分基因水平上的品种差异性,可能在构建核心种质中丢失一些具有优异基因的材料。因此,利用分子标记数据的核心种质构建在桂花<sup>[33]</sup>、小麦<sup>[34]</sup>、野杏<sup>[35]</sup>、番茄<sup>[36]</sup>、巴西橡胶<sup>[37]</sup>、野苹果<sup>[38]</sup>和水稻<sup>[39]</sup>等广泛开展。本研究利用已经编目的农艺性状数据开展了山西省普通菜豆的初级核心种质构建,在表型水平上基本明确了山西省普通菜豆的研究的重点。下一步可通过利用 SSR 标记和 SNP 标记等,在分子水平上开展普通菜豆的核心种质构建工作。

## 4 结论

本研究利用保存于山西省农科院农作物品种资源研究所的 663 份已经编目的普通菜豆资源,基于 14 个农艺性状,通过不同分组原则、取样比例和总体取样量的方法比较,确定了“地理来源 + 平方根比例 + 20% 总体取样量”作为山西省初级核心种质的主要取样方法。在此基础上,对 663 份资源中的一些具有极端性状的资源进行选择,最终确定了 152 份普通菜豆作为山西省普通菜豆初级核心种质。通过总体与初级核心种质资源多样性分析、数量性状均值比较、数量性状极值、变幅和标准差比较、14 个性状多样性的差异性比较和各性状总体分布的  $\chi^2$  检验,最终得出:152 份普通菜豆资源能够代表山西省普通菜豆资源的总体,可作为山西省普通菜豆创新利用的优先样品集。

### 参考文献

- [1] 郑卓杰. 中国食用豆类学[M]. 北京:中国农业出版社,1997: 222-249
- [2] 程须珍. 中国食用豆类品种志[M]. 北京:中国农业科学技术出版社,2009:269-327
- [3] 李锡香,方智远. 从核心种质的研究入手开展农作物优异基因的挖掘利用[J]. 中国蔬菜,2005(S):1-7
- [4] 李自超. 植物遗传资源核心种质[M]. 北京:中国农业出版



- 社,2012;3-20,93-106
- [5] 李自超,张洪亮,曹永生,等. 中国地方稻种资源初级核心种质取样策略研究[J]. 作物学报,2003,29(1):20-24
- [6] 胡兴雨,王纶,张宗文,等. 中国黍稷核心种质的构建[J]. 中国农业科学,2008,41(11):3489-3502
- [7] 刘长友,王素华,王丽侠,等. 中国绿豆种质资源初选核心种质构建[J]. 作物学报,2008,34(4):700-705
- [8] 徐宁. 中国小豆核心种质构建及其遗传多样性研究[D]. 北京:中国农业科学院,2008
- [9] 王丽侠,程须珍,王素华. 中国饭豆种质资源遗传多样性及核心种质构建[J]. 植物遗传资源学报,2014,15(2):242-247
- [10] Oliveira M F, Nelson R L, Geraldi I O, et al. Establishing a soybean germplasm core collection [J]. Field Crop Res, 2010, 119: 277-289
- [11] Yao Q L, Fan P, Zou S X. Constructing a core collection for maize (*Zea mays* L.) landrace from Wuling mountain region in China [J]. Agr Sci China, 2008, 7(12):1423-1432
- [12] Wang Y Z, Zhang J H, Sun H Y, et al. Construction and evaluation of a primary core collection of apricot germplasm in China [J]. Sci Horticulture-Amsterdam, 2011, 128:311-319
- [13] Cunff L L, Fournier-Level A, Laucou V, et al. Construction of nested genetic core collections to optimize the exploitation of natural diversity in *Vitis vinifera* L. subsp. *sativa* [J]. BMC Plant Biol, 2008, 8:31
- [14] Bhattharjee R, Dumet D, Ilona P, et al. Establishment of a cassava (*Manihot esculenta* Crantz) core collection based on agro-morphological descriptors [J]. Plant Genet Resour-C, 2012, 10(2):119-127
- [15] Li X L, Lu Y G, Li J Q, et al. Strategies on Sample Size Determination and qualitative and quantitative traits integration to construct core collection of rice (*Oryza sativa*) [J]. Rice Sci, 2011, 18(1):46-55
- [16] 张赤红. 普通菜豆种质资源遗传多样性与分类研究[D]. 北京:中国农业科学院,2004
- [17] 张赤红,曹永生,宗绪晓,等. 普通菜豆种质资源形态多样性鉴定与分类研究[J]. 中国农业科学,2005,38(1):27-32
- [18] 曹永生. 中国主要农作物种质资源地理分布图集[M]. 北京:中国农业出版社,1995:207-210
- [19] 中国农业科学院作物品种资源研究所. 中国食用豆类品种资源目录(第一集)[M]. 北京:中国农业科技出版社,1987:278-359
- [20] 中国农业科学院作物品种资源研究所. 中国食用豆类品种资源目录(第二集)[M]. 北京:中国农业出版社,1990:188-234,516-522
- [21] 中国农业科学院作物品种资源研究所. 中国食用豆类品种资源目录(第三集)[M]. 北京:中国农业出版社,1996:142-204
- [22] 王述民. 普通菜豆种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2006:1-55
- [23] Li Z C, Zhang H L, Zeng Y W, et al. Studies on sampling schemes for the establishment of core collection of rice landraces in Yunnan, China [J]. Genet Resour Crop Evol, 2002, 49:67-74
- [24] 徐宁,程须珍,王素华,等. 以地理来源分组和利用表型数据构建中国小豆核心种质[J]. 作物学报,2008,34(8):1366-1373
- [25] 陈雨,潘大建,杨庆文,等. 广东高州野生稻应用核心种质取样策略[J]. 作物学报,2009,35(3):459-466
- [26] 郑铁琦,郭琰,房淑娟,等. 利用表型数据构建狗牙根初级核心种质[J]. 草业学报,2014,23(4):49-60
- [27] Chung H K, Kim K W, Chung J W, et al. Development of a core set from a large rice collection using a modified heuristic algorithm to retain maximum diversity [J]. J Integr Plant Biol, 2009, 51(12):1116-1125
- [28] Li Y, Shi Y S, Cao Y SH, et al. Establishment of a core collection for maize germplasm preserved in Chinese National Gene bank using geographic distribution and characterization data [J]. Genet Resour Crop Evol, 2004, 51:845-852
- [29] 张永兵,伊鸿平,马新力,等. 新疆甜瓜地方品种资源核心种质构建[J]. 植物遗传资源学报,2013,14(1):52-57
- [30] 王丽侠,程须珍,王素华. 中国饭豆种质资源遗传多样性及核心种质构建[J]. 植物遗传资源学报,2014,15(2):242-247
- [31] 陈建华,栾明宝,许英,等. 苕麻种质资源核心种质构建[J]. 中国麻业科学,2011,33(2):59-64
- [32] 肖亮,易自力,蒋建雄,等. 中国芒 (*Miscanthus sinensis*) 初级核心种质的构建 [J]. 植物遗传资源学报, 2014, 15 (6): 1196-1201
- [33] 张维瑞,袁王俊,尚富德. 基于 AFLP 分子标记的桂花品种核心种质的构建[J]. 西北植物学报,2012,32(7):1349-1354
- [34] 郝晨阳,董玉琛,王兰芬,等. 我国普通小麦核心种质的构建及遗传多样性分析[J]. 科学通报,2008,53(8):908-915
- [35] 刘娟,廖康,赵世荣,等. 利用 ISSR 分子标记构建新疆野杏核心种质资源[J]. 中国农业科学,2015,48(10):2017-2028
- [36] 邓学斌,刘磊,闫喆,等. 加工番茄核心种质构建及其遗传背景分析[J]. 园艺学报,2015,42(7):1299-1312
- [37] 方家林,龙青娥,华玉伟,等. 基于 EST-SSRs 的巴西橡胶树魏克汉种质核心种质构建研究[J]. 热带作物学报,2013,34(6):1013-1017
- [38] 刘遵春,刘大亮,崔美,等. 整合农艺性状和分子标记数据构建新疆野苹果核心种质[J]. 园艺学报,2012,39(6):1045-1054
- [39] 黎毛毛,黄永兰,余丽琴,等. 利用 SSR 标记构建江西稻种资源核心种质库的研究[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(6):952-957

## 欢迎订阅 2017 年《河南农业科学》

《河南农业科学》是河南省农业科学院主办的综合性农业科技期刊。本刊连续被评为全国中文核心期刊、中国科技核心期刊、中国农业核心期刊,被遴选为中国科学引文数据库(CSCD)来源期刊、RCCSE 中国核心学术期刊(A-)。曾多次获得有关部门的奖励,被评为“全国优秀农业期刊”,连续荣获“河南省优秀科技期刊一等奖”、“河南省自然科学期刊综合质量检测一级期刊”、“河南省自然科学二十佳期刊”。

本刊栏目设置有综述、作物栽培·遗传育种、农业资源与环境、植物保护、园艺·林学、畜牧·兽医、农产品加工·农业工程·农业信息技术。

月刊,每期定价 18.00 元,全年 216 元。各地邮局均可订阅,邮发代号:36-32。如错过订期,可直接与本刊编辑部联系订阅。

地址:郑州市花园路 116 号

邮编:450002

电话:0371-65739041

传真:0371-65712747

E-mail:hnnykx@163.com

网址: <http://www.hnnykx.org.cn>