

## 果树核心种质研究进展

王永康<sup>1,2</sup>, 吴国良<sup>1,3</sup>, 李登科<sup>2</sup>, 冀爱青<sup>4</sup>, 隋串玲<sup>2</sup>, 赵爱玲<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>山西农业大学园艺学院, 太谷 030801; <sup>2</sup>山西省农业科学院果树研究所, 太谷 030815;

<sup>3</sup>河南农业大学园艺学院, 郑州 450002; <sup>4</sup>晋中学院生物科学与技术学院, 山西榆次 030600)

**摘要:**近年来, 继果树种质资源收集保存和鉴定评价等重大项目相继开展之后, 利用现有基本信息、鉴定评价数据构建果树核心种质已成为种质资源领域又一新的研究热点和发展方向。根据核心种质的内涵和果树自身特点, 提出了果树核心种质研究的主要特性, 阐述了其主要研究内容、方法和步骤等研究现状, 并通过分析果树核心种质构建的特殊性, 指出存在的主要问题, 探讨了果树核心种质研究的重点和发展方向。

**关键词:**果树; 种质资源; 核心种质; 遗传多样性

## Advances in Core Collection of Fruit Germplasm

WANG Yong-kang<sup>1,2</sup>, WU Guo-liang<sup>1,3</sup>, LI Deng-ke<sup>2</sup>, JI Ai-qing<sup>4</sup>, SUI Chuan-ling<sup>2</sup>, ZHAO Ai-ling<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>Shanxi Agricultural University, Taigu 030801; <sup>2</sup>Pomology Institute, Shanxi Academy of Agricultural Science,

Taigu 030815; <sup>3</sup>Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002; <sup>4</sup>Jinzhong College, Yici, Shanxi 030600)

**Abstract:** Constructing the core collection of fruit germplasm by using the existing basic information, identification and evaluation data has become another new research area of fruit germplasm resources after the preservation, identification and evaluation. According to the connotation and development of core collection, the main characteristics of the core collection of fruit trees were proposed and its main research contents, methods and procedures were presented. By analyzing the special natures of constructing core collection of fruit germplasm, its main problems and further research directions were discussed in detail.

**Key words:** Fruit; Germplasm resources; Core collection; Genetic diversity

在建立资源圃的基础上, “七五”、“八五”期间我国对 19 种果树 11 项主要农艺性状鉴定评价资源 18437 份次, 获得数据 18.6 万个, 建立了国家果树种质资源数据库<sup>[1]</sup>。“十五”、“十一五”期间国家实施了果树自然科技资源共享平台建设项目, 共制定了 20 种果树种质资源描述规范和数据标准, 数据类型包括基本信息、形态特征和生物学特性、品质特性、抗逆性、抗病虫性和其他特征特性<sup>[2]</sup>。并严格按照规范标准采集整理现存全部资源的数据, 数据量近百万个, 基本实现了信息和实物资源共享利用。近年来, 分子标记技术在果树种质资源鉴定评

价方面得到了广泛应用。目前, 从植物学特征、生物学特性以及分子标记等方面都已建立了比较全面的种质资源鉴定评价数据库系统和成熟的技术条件, 为种质资源的进一步深入研究打下了坚实的基础。利用现有基本信息、鉴定评价数据构建核心种质是继资源保存和鉴定评价重大任务完成之后的一个新的研究领域和发展方向, 对进一步加强资源保护、管理、关键数据鉴定评价和创新利用具有重要意义。目前在苹果<sup>[3-6]</sup>、梨<sup>[7]</sup>、桃<sup>[8-9]</sup>、枣<sup>[10-11]</sup>、石榴<sup>[12]</sup>、果梅<sup>[13]</sup>、柚类<sup>[14]</sup>和山葡萄<sup>[15]</sup>等多种果树上已有相关研究。

收稿日期: 2009-05-11

修回日期: 2009-11-30

基金项目: 国家科技支撑计划(2008BAD92B03); 国家科技基础条件平台项目(2005DKA21002-23); 作物种质资源保护项目(NB08-2130135-2); 山西省青年基金项目(2008021037-2)

作者简介: 王永康, 博士, 研究方向为果树种质资源与育种。E-mail: woyok@yahoo.com.cn

通讯作者: 吴国良, 教授, 博导。E-mail: wugood2002@yahoo.com.cn

## 1 果树核心种质特性

在核心种质概念的形成和发展的过程中,其内涵和外延得到了不断完善,先后出现了活动收集品(active collection)、核心种质(core collection)、合成核心种质、分级核心种质资源、微型核心种质和专项核心种质等一系列不同提法,但构建最终目的都是一致的,即为了更有效地管理、研究和利用现有资源。根据核心种质内涵及最新发展,其应具有以下主要特征:根据遗传特点和利用目的,能够以最少的样本代表整体种质资源的遗传和生态多样性<sup>[16]</sup>;最大限度地避免遗传上的重复<sup>[17]</sup>,与利用目的无关的性状不必考虑;能够有效提高资源保存、鉴定评价与创新效率,具有实用性<sup>[16]</sup>;其构成随新资源的获得、新特性的发现和利用的新需求而调整变化,具有动态性<sup>[18]</sup>;通过检验,构建的核心种质能够很好地代表原种质资源群体的遗传多样性,具有有效性<sup>[19]</sup>。

在具体到某种或某类种质资源时,需要根据其遗传多样性特点和利用目的的不同而侧重点有所差异。与主要农作物相比,果树种质资源具有完全不同的特点:首先,其大多为多年生乔化木本植物,树体高大,占地面积大,保存技术落后,方式单一,管理难度更大;其次,尽管核心种质研究已经开始在多种果树上展开,但果树核心种质研究起步晚、基础差,从数据收集、整理、取样、评价到利用仍将有很长的路要走,依然处于初期阶段;另外,果树遗传背景极为复杂,高度杂合,重要的农艺性状多为微效多基因控制的数量性状,常规杂交后代分离广泛,加上童期长,且地方特色浓重,或命名混乱,存在严重的同物异名和同名异物现象,对于遗传多样性分布及其构成状况的了解更为困难,优良性状基因极易丢失,无形中增加了核心种质研究的复杂性。

从核心种质概念和特征出发,考虑果树种质资源的特点,认为果树核心种质研究应具有如下特性:(1)核心种质组成应包括和体现当前果树的主要变异类型。(2)核心种质彼此间要有最丰富的异质性和多态性,包括特异种质代表类型,最大限度地避免遗传上的重复。(3)核心种质组成始终处于动态交流和调整之中,而不是一成不变的。(4)根据利用目的的不同,核心种质的组成应包含生产实践所需要的优异农艺性状或基因。

## 2 果树核心种质研究的主要内容和方法

### 2.1 构建核心种质数据的收集整理

果树遗传资源数据是构建核心种质的基础和前提,数据的准确度和完整度直接决定了所构建核心种质的质量和有效性。数据类型包括基本数据、特征数据和鉴定评价数据3类。基本数据主要指起源地、来源地的生态地理条件或育种体系、分类体系等有关信息,此类数据在果树上一般都比较完整,在样品分组时应用较多,与其他数据类型结合使用效果较好;特征数据,包括形态、生化、分子标记等数据;鉴定评价数据,包括产量、品质及抗性在内的农艺性状。

采用传统的植物学特征和生物学特性数据是核心种质构建的主要数据类型,它是种质特性最直观的反映,是其他数据类型真实性重要的参照,核心种质有效性的最终检验都必须通过表型数据的获得来完成。桃初级核心种质构建是以国家种质资源圃(北京)编目的558份桃品种的18项形态学和农艺学性状为基本数据<sup>[9]</sup>。枣核心种质构建以170份样品的23项数量性状和11项质量性状作为分析对象<sup>[10]</sup>。山葡萄核心种质构建采用来源省份分组-花型分组,再以果实性状为主的数据进行聚类<sup>[15]</sup>。

由于形态特征、生物学特性等表型性状受环境和人为因素影响较大,容易导致度量遗传多样性产生一定的偏差,具有一定的局限性。而随着分子标记的出现及其技术的日臻完善,尤其DNA分子标记已广泛应用,其具有多态性丰富、重复性和稳定性好、速度快、效率高等优点,已成为果树核心种质研究中数据的主要来源之一<sup>[11,14]</sup>。高志红等<sup>[13]</sup>在构建果梅核心种质时,首先把197份样品按白梅、青梅和红梅分类体系进行分组后再结合来源于《中国果树志·梅卷》的27项数据进行聚类,以同功酶、RAPD和SSR数据作为参考。李银霞等<sup>[8,9]</sup>在构建桃核心种质时采用形态农艺性状(MOR)和SSR标记数据,比较了MOR、SSR、MOR+SSR聚类取样和完全随机取样,结果表明,在80%取样比例下MOR结合SSR数据聚类效果最好,利用此方案构建的45份桃核心种质保留了初始样品100%的形态农艺性状和96.6%的SSR等位基因,经进一步检测,能够很好地代表558份桃原始种质的遗传变异。由此可见,不同数据类型之间具有互补性<sup>[20]</sup>,能有效地鉴别样品间微小的遗传差异,评价核心子集的遗传冗

余,剔除核心库重复资源<sup>[21]</sup>。整合形态农艺性状和分子标记等各类数据更能准确地检测个体间的遗传差异,提高核心种质遗传代表性<sup>[22-24]</sup>。李自超等<sup>[25]</sup>在研究中国地方稻核心种质取样策略时认为,利用现有数据构成初级核心种质,然后进行田间试验,利用表型数据从初级核心种质中取样构建二级核心种质,最后利用分子标记等数据将二级核心种质进一步压缩形成核心种质。

在选择构建核心种质的初始样品和原始数据时,应考虑目前具备的条件、研究重点和利用目的等因素。如果要求核心种质涵盖尽可能多的基因性状多样性时,就需选用代表各类性状的数据项。而如果要重点研究某一种或某一类性状多样性时,就以特定数据类型为基础进行聚类取样,例如刘闯萍等<sup>[15]</sup>重点利用果实经济性状数据初步构建山葡萄核心种质。还可根据特殊用途的不同来选择初始样品和原始数据,例如研究果树砧木核心种质时应首先选择抗逆性、矮化性等实用特性数据,研究育成品种核心种质时应选取育成品种原始样品。

## 2.2 样品分组

**2.2.1 随机取样分组** 通过随机取样所构建的核心种质代表性差,很少适用。以下情况者可以考虑使用:仅需获得最基本的遗传变异;与系统取样结合使用,或仅作为比较<sup>[9]</sup>;随机取样后再人为补充。

**2.2.2 分层取样分组的方法与选择** 分层分组取样是根据物种遗传结构特点、研究目的、研究深度、数据情况以及主次因素等不同而采用不同方法,由于所有果树种质资源的遗传多样性不是均匀分布的,而是按照一定规律和结构存在的,需要将其分为互补重叠的小组。

果梅核心种质构建时是把 197 份样品按白梅、红梅和青梅分类体系进行分组,在 20 份核心种质中分别占到 10%、30% 和 60%<sup>[13]</sup>。山葡萄核心种质构建时采用省份-花型-多性状组合聚类分组后构建了 48 份核心种质,包括吉林省资源 18 份、黑龙江资源 29 份、辽宁省资源 1 份;两性花资源 22 份,雌能花资源 21 份,雄株 5 份<sup>[15]</sup>。上述核心种质能够直接反映出不同类型资源在该群体中的分布状况,因而采用分层取样分组构建核心种质都较好地代表了原始群体的遗传结构。

## 2.3 组内取样

**2.3.1 取样比例** 就总体取样比例而言,Brown<sup>[16]</sup>指出核心种质一般占整个遗传资源的 5%~10%,或总量不超过 3000 份。Yonezawa 等<sup>[26]</sup>则在多样性

分层模型的基础上,指出对于 DR 值(遗传距离)在 0.2~0.9 之间的群体,其最佳取样比例为 20%~30%。据大量文献表明,取样比例没有固定格式,而是由该物种的遗传结构和遗传多样性状况决定。一般取样比例随着总体数量的增大而减小,而当总体数量大于一定量时(10000 份以上),取样比例变化不大,多在 10% 左右。也有人认为样本个体间的平均距离是衡量个体相似性高低和确定取样比例的重要参考指标之一<sup>[19]</sup>。目前报道的 50 多种植物 60 多个核心种质的取样比例均在 5%~40% 之间<sup>[27]</sup>,而果树在 8%~35% 之间<sup>[5-15]</sup>。例如高志红等<sup>[13]</sup>以 14% 取样比例从 194 份中国果梅种质资源中选取 27 份样品构建果梅初级核心种质,且性状符合率不低于 95%。李银霞等<sup>[8-9]</sup>利用 558 份桃初始样品的 18 项形态农艺性状筛选了 56 份初级核心种质,再根据果实等性状和 SSR 数据进行聚类取样进一步压缩,在压缩过程中,总体取样比例设置为 10%、20%、30%、40%、50%、60%、70%、80% 和 90%,结果表明,以结合形态农艺性状和 SSR 数据聚类、取样比例为 80% 时效果最好,形成 45 份核心种质,约占初始样品的 8%。

**2.3.2 取样策略** 组内取样比例也应根据各组的遗传特点和采取合适的取样策略来确定。取样策略是核心种质构建关键环节之一,是从初始样品中选择核心种质的取样方法的选择和使用。方法有随机取样和系统取样两种。随机取样很少单独使用,Hu 等<sup>[28]</sup>曾提出多次聚类随机取样法,即聚类 1 次,随机剔除每组中较高遗传相似性个体中的一个后再聚类,逐级压缩,直至核心种质达到设定要求。刘勇等<sup>[14]</sup>在构建柚类核心种质时即采用此法。系统取样又包括 5 种常用方法:恒量法,适用于多样性在各组内分布均匀的情况,应用较少;对数法,适用于数据有限、遗传变异背景不清楚的情况,初始样品份数的对数值与核心种质数量基本一致;平方根法,可部分修正核心种质遗传多样性的偏离;遗传多样性法,是指按照遗传多样性结构取样,多样性多的组取样多,反之则少;比例法,适用于遗传多样性与资源数量呈正相关,各组数量相差很多的情况下。刘闯萍等<sup>[15]</sup>在构建山葡萄核心种质时组内取样统一按照比例法进行。

而对于某些具极端性状、有较大研究利用价值、采用统计学方法不能入选的特殊材料,需通过人为选择方式直接加入到核心种质中,不用参与聚类分析<sup>[15]</sup>,或在多次聚类过程中,直接选择特殊材料进

入下一步聚类<sup>[29]</sup>。

**2.3.3 数据处理方法** 主要包括聚类分析、主成分分析和线性判断分析,目前以聚类分析为主要方法,而聚类分析方法中又以系统聚类最为常用。系统聚类方法根据不同类群聚集方法的不同又可分为最短距离法、最长距离法、不加权重对算术平均法(UPGMA)、加权配对算术平均法(WPGMA)和离差平方和法等。

在处理原始数据都存在不完整的情况时,李自超等<sup>[30]</sup>在3种类型数据都分别有限的情况下采用逐层补充信息方法构建中国地方稻核心种质,经变异系数、表型方差、保留比例等评价,表明所构建的二级核心种质具有较好的代表性。某些统计软件也具有处理部分缺失数据的能力,比如NTSYS-pc 2.10软件,在实际操作中应注意使用。因此,在部分数据不完整的情况下,可以通过采取适当的统计方法加以处理,而不应因为数据的难以获得影响核心种质的构建进程<sup>[31]</sup>。

## 2.4 核心种质有效性评价

有效性评价是核心种质构建的最关键步骤之一,是检验构建方法和构建效果的主要途径和措施,是必不可少的内容,也是核心种质研究中的一大难点。遗传多样性指种内不同的个体间或一个群体内不同个体间的遗传变异的综合,对遗传多样性的量度包括变异的丰度(richness)和变异的均匀度(evenness)。Diwan等<sup>[32]</sup>认为,如果核心种质与整个样品在平均数及变异幅度上存在显著差异的性状少于30%,且核心种质各性状变幅占整个样品变幅平均比率高于70%,则可以认为该核心种质基本代表了原始群体的遗传多样性。检验评价方法很多,但可分为2大途径:核心种质遗传多样性的符合性检验和核心种质实用性检验。

**2.4.1 核心种质遗传多样性的符合性检验** 根据原始数据形式的不同,核心种质遗传多样性的符合性检验评价可分为离散性指标多样性和连续性指标多样性,二者既有差别又有交叉。

离散性数据包括质量性状、抗性、同工酶、分子标记等,常用评价指标有:多态性位点数、多态性百分率、有等位基因频率、Nei's多样性指数、Shannon-Weaver多样性信息指数等。多态性百分率只度量群体多态性位点的丰富程度,无法检测等位基因或基因型频率差异的大小,而用Shannon-Weaver多样性信息指数可弥补这一点。同时运用多种指标,既能保持群体的最大遗传多样性,又能有效地降低多

样性冗余。

连续性数据包括产量、单果重、生长量、生理生化指标等数量性状,常用评价指标:表型保留比例、表型方差、表型频率方差、遗传多样性指数、变异系数、变异范围、性状符合度、平均数、某性状等级多样性等。

刘勇等<sup>[14]</sup>运用PopGene32软件计算柚类初始种质和核心种质SSR和AFLP指纹图谱的多态性位点数、多态性百分率、观测等位基因数、有效等位基因数、Nei's遗传多样性指数和Shannon信息指数,并用CS10.1软件分别作t检验,各项指标的保留率分别达到94.87%、94.87%、97.80%、99.86%、100.72%和101.16%,表明核心种质较好地代表了初始种质。高志红等<sup>[13]</sup>将果梅核心种质与总样本的单果重、发育期、总酸、完全花比例、叶面积、叶柄长和可溶性固形物8项数量性指标的最大值、最小值、平均值、标准差和变异系数作为检验核心种质代表性和遗传多样性的评价指标,符合率分别达到90.47%、98.25%、97.25%、97.97%、94.75%、98.29%、99.83%和99.85%,较好地代表了原种质的遗传变异。

**2.4.2 核心种质实用性检验** 包括检验所构建的核心种质库中是否保留已知农艺性状及其他性状(基因)和在实际应用中能否找到目的性状或基因两个途径。实用性检验在核心种质有效性评价上应用的极少,目前果树上尚未有应用,仅在构建较早的农作物上稀有应用<sup>[33-34]</sup>。就其原因来说,可能与遗传多样性的复杂性和目前人们已知的性状基因的局限性有关,尽管如此,实用性检验是对核心种质有效性的最直接和最具说服力的检验途径,经得起实践的最终考验的核心种质才是最有效的。

## 3 果树核心种质构建的特殊性

果树核心种质构建遵循一般步骤和方法,但根据其自身特点又存在特殊性,主要归纳以下几点:(1)由于多数果树树种自交不亲和,多年生,数量性状为主,性状鉴定和性状遗传的基础研究薄弱,所以开展核心种质研究的难度很大。大多果树种质的基因性状数量及分布特点、遗传规律等方面尚不完全了解,由于受人为和环境因素影响导致采集数据的变异范围非常大,因而更加需要注重数据来源的一致性,以保持数据的真实性、客观性和可重复性,加强种质间的可比性。对于核心种质的构建,数据采集的所有种质的树体要维持正常生长发育所需的相

同的气候、栽培管理等相对一致的条件,采集数据的时期、部位、方法等需要标准化要求。国家自然资源共享平台建设所制定的20种果树种质资源描述规范和数据标准是综合前人和国内外经验的基础上形成的较为完善的数据标准和参考依据<sup>[2]</sup>,在实践中应严格规范地加以使用。(2)不同类型果树的遗传特点完全不同,因而核心种质构建的着重点和方法需要根据特定果树而定。例如数据类型的选择、群体大小的确定以及数据处理统计学方法的差异等,都需要根据实际情况和核心种质构建效果评价等途径验证。如果植物学特征如矮化性状、短枝型或针刺的发达程度等或果实经济性状如果实大小、形状、颜色等在某一果树中变异丰富或应用广泛,则应作为主要数据加以采用,反之则可以忽略。(3)不同类型果树品种资源数量从几十份到几千份不等,果树育种周期长,品种更新缓慢,品种资源数量有限,通过亲本谱系分析可以减少一部分重复资源。各类果树应根据资源情况和实际需要确定核心资源构建的必要性。但原产我国的野生资源如抗旱、耐贫瘠、营养丰富的酸枣和苹果、梨、柑橘的抗性砧木山定子、海棠、杜梨和枳等类型丰富,数量多,有必要开展核心种质构建。

## 4 问题与展望

### 4.1 加强果树种质资源的收集保存和鉴定评价工作,提高各类数据的完整度

不断提高保存资源整体遗传多样性的丰富度,不仅能够挽救我国丰富的自然资源,而且是充实果树核心种质、提高其物种代表性的源泉,是核心种质动态性管理的主要内容。不仅我国果树保存数量与美国相差很远,而且遗传多样性和种类上也有很大差距<sup>[35]</sup>。

如上所述,种质资源数据是构建核心种质的基础和前提。目前我国的大多数数据类型主要为表型性状,与国外相比,利用同工酶、核型、分子标记等现代鉴定技术依然落后,抗性、加工特性、育种特性等关键数据十分缺乏,这种状况如果长期得不到改变,将不可避免地影响核心种质研究进程及其代表性的质量。

### 4.2 着重加强野生资源核心种质研究,以利于资源保存和研究利用

我国是许多果树树种的起源演化中心,野生资源分布很广,类型极多,带有许多重要的抗性基因或含有丰富的功能性营养成分,因而在育种上和生

上具有重要的利用价值。由于气候环境的变化以及工业化和城市化的建设进程加快,野生资源流失也日趋严重。目前野生资源的收集保存数量很少,一般一个物种或类型只有几株,研究野生种的核心种质则更有意义,有利于野生种的收集保存和利用研究。而这方面的研究目前较为缺乏,今后需要进一步加强。

### 4.3 加强不同保存单位和研究单位之间的合作,加快构建主要果树和我国特色果树树种核心种质,开展核心种质的深入鉴定评价和利用研究

自核心种质概念提出20多年来,以美国为首的国家 and 地区构建了包括果树在内的多种植物的核心种质。由于果树具有完全不同于农作物的特点,核心种质构建更为迫切,难度也较大,因而需要加强研究保存单位之间的合作。由于种种原因,某些果树树种种质资源分散在全国各地多家研究单位,可以根据上文合成核心种质概念的原理和方法,构建特定树种及其近缘种核心种质。我国是世界果树起源中心之一,果树栽培历史悠久,拥有丰富的种质资源类型和遗传多样性,野生资源、砧木资源、原产我国或独具特色的果树资源等核心种质的构建对提高整个种质资源研究水平具有重要意义。同时也应充分借鉴世界各国果树核心种质研究经验和成果,加强合作研究。

核心种质研究不是孤立的,它同时也是果树种质资源鉴定评价工作的一部分,可以更加详细地了解整个种质资源遗传多样性及其分布结构,是种质资源研究的进一步深入发展<sup>[31]</sup>。

### 4.4 建立各类专项核心种质,满足育种对不同资源类型的需求

果树育种目标的多样化决定了核心种质研究的重点和目的有所不同。重要的农艺性状包括果实品质、丰产性、抗性等某一个或某一类性状专项核心种质构建能够对育种利用提供极大的方便,对挖掘优异基因、提高育种效率和种质资源利用率具有重要意义。重视分组原则、取样比例、取样策略和有效性鉴定评价方法研究,提高构建核心种质的代表性和有效性。

### 4.5 建立核心种质库,完善繁种、供种及管理体制,保障有效利用

核心种质构建后,为了更有效地挖掘,应重点加强管理,严防死亡丢失。通过适当途径加快繁种,提供足够数量的实物以供利用。健全资源分发、利用共享体制,密切资源保存者和利用者之间的交流和

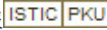
合作,保障资源利用渠道的畅通。

# 参考文献

- [1] 贾敬贤,丛佩华. 中国北方果树种质资源的保护与利用. [C]//高卫东, Ramanatha Rao V, 周明德. 中国植物遗传资源保存与利用. IPGRI(国际植物遗传研究所), 1999:133-134
- [2] 刘旭,曹永生,张宗文,等. 农作物种质资源基本描述规范和术语[M]. 北京:中国农业出版社, 2008
- [3] Hokanson S C, Szezw-McFadden A K, Lamboy W F, et al. Microsatellite (SSR) markers reveal genetic identities, genetic diversity and relationships in a Malus  $\times$  domestica borkh. core subset collection[J]. Theor Appl Genet, 1998, 97: 671-683
- [4] Hokanson S C, Lamboy W F, Szezw-McFadden A K, et al. Microsatellite (SSR) variation in a collection of Malus (apple) species and hybrids[J]. Euphytica, 2001, 118: 281-294
- [5] 张雨春. 新疆野苹果(Malus sieversii)群体遗传结构与核心种质构建方法[D]. 山东农业大学, 2008
- [6] 田彬彬. 寒地苹果种质枣园 RAPD 分子标记及其核心种质构建[D]. 吉林农业大学, 2007
- [7] 王庆芬. 抗寒梨种质资源 RAPD 分子标记及其核心种质的初步构建[D]. 吉林农业大学, 2007
- [8] 李银霞,高其洁,李天红. 基于果实相关性状的桃品种初级核心种质取样策略研究[J]. 果树学报, 2006, 23(3): 359-364
- [9] 李银霞,安丽君,姜全,等. 桃品种核心种质的构建与评价[J]. 中国农业大学学报, 2007, 12(5): 22-28
- [10] 董玉慧. 枣树农艺性状遗传多样性评价与核心种质构建[D]. 河北农业大学, 2008
- [11] 白碧霞. 枣种质资源遗传多样性的分子评价及其核心种质的构建[D]. 河北农业大学, 2008
- [12] 沈进,朱立武,张水明,等. 中国石榴核心种质的初步构建[J]. 中国农学通报, 24(5): 265-271
- [13] 高志红,章镇,韩振海,等. 中国果梅核心种质的构建与检测[J]. 中国农业科学, 2005, 38(2): 363-368
- [14] 刘勇,孙中海,刘德春,等. 利用分子标记技术选择柚类核心种质资源[J]. 果树学报, 2006, 23(3): 339-345
- [15] 刘闯萍,王军,沈育杰,等. 山葡萄资源核心种质的初步构建[J]. 植物遗传资源学报, 2008, 9(3): 372-374
- [16] Brown A H D. The case for core collections[C] //Brown A H D, Frankel O H, Marshall R D, et al. The use of plant genetic resources. Cambridge, UK: Cambridge Univ Press, 1989:136-156
- [17] 周明德. 核心收集品的研究及其发展[J]. 作物品种资源, 1994(增刊): 3-6
- [18] 李自超,张洪亮,孙传清,等. 植物遗传资源核心种质研究现状与展望[J]. 中国农业大学学报, 1999, 4(5): 52-62
- [19] 崔艳华,邱丽娟,常汝镇,等. 植物核心种质研究进展[J]. 植物遗传资源学报, 2003, 4(3): 279-284
- [20] Grenier C, Deu M, Kresovich S, et al. Assessment of Genetic Diversity in Three Subsets Constituted from the ICRISAT sorghum collection using random vs Non-Random Sampling Procedures, B. Using molecular markers [J]. Theor Appl Genet, 2000b, 101: 197-202
- [21] Karp A, Kresovich S, Bhat K V, et al. Molecular tools in plant genetic resources conservation: a guide to the technologies [M]//IPGRI Technical Bulletin No. 2, International Plant Genetic Resources Institute, Rome, 1997
- [22] Bar-Hen A, Charcosset A, Bourgoign M, et al. Relationship between genetic markers and morphological traits in maize inbred lines collection[J]. Euphytica, 1995, 84: 145-154
- [23] Michalik B, Grzebelus D, Baranski R. Promotion of the use of East European Beta vulgaris germplasm collections [R]//Molecular characterization, agronomic evaluation and genetic diversity studies of red garden beet (Beta vulgaris) genetic resources, as a complementary work to Project GENRES 42 of the European Union genetic resources programme 1467/94. IPGRI Final Project Report, 1997
- [24] Dahlerg J A, Zhang X, Hart G E, et al. Comparative assessment of variation among sorghum germplasm accessions using seed, morphology and RAPD measurements [J]. Crop sci, 2002, 42: 291-296
- [25] 李自超,张洪亮,曹永生,等. 中国地方稻种质资源初级核心种质取样策略研究[J]. 作物学报, 2003, 29(1): 20-24
- [26] Yonezawa K, Nomura T, Morishima H. Sampling strategies for use in stratified germplasm collections [C] //Hodgkin T, Brown A H D, Hintum van TH L, et al. Core collection of plant genetic resources. IPGRI, A Wiley-Sayce Publication, 1995, 90: 35-54
- [27] 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(增刊): 1-7
- [28] Hu J, Zhu J, Xu H M. Methods of constructing core collection by stepwise cluster with three sampling strategies based on genotypic values of crops [J]. Theor Appl Genet, 2000, 101: 264-268
- [29] 胡晋,徐海明,朱军. 保留特殊种质材料的核心库构建方法[J]. 生物数学学报, 2001, 16(3): 348-352
- [30] 李自超. 中国地方稻种质资源核心种质取样策略和表型及同工酶遗传多样性研究[D]. 中国农业大学, 2001
- [31] Brown A H D. The core collection at the crossroads [C]//Hodgkin T, Brown A H D, van Hintum T H L, et al. Core collection of plant genetic resources. IPGRI, A Wiley-Sayce Publication, 1995: 3-20, 1163-1168
- [32] Diwan N, McIntosh M S, Baughan G R. Methods of developing a core collection of annual Medicago species [J]. Theor Appl Genet, 1995, 90(6): 755-761
- [33] Corley C, William F A. Evaluation of a core collection to identify resistance to late leafspot in peanut [J]. Crop Sci, 1995, 35: 1700-1702
- [34] Chrmet G, Balfourier F, Ravel C, et al. Genotype  $\times$  environment interactions in a core collection of French perennial ryegrass populations [J]. Theor Appl Genet, 1993, 86: 731-736
- [35] 王力荣,朱更瑞,方伟超. 果树种质资源保存、评价与共享利用现状比较[C]//多年生和无性繁殖作物种质资源共享研究, 中国农业出版社, 2006: 77-88

作者: [王永康](#), [吴国良](#), [李登科](#), [冀爱青](#), [隋串玲](#), [赵爱玲](#), [WANG Yong-kang](#), [WU Guo-liang](#), [LI Deng-ke](#), [JI Ai-qing](#), [SUI Chuan-ling](#), [ZHAO Ai-ling](#)

作者单位: [王永康, WANG Yong-kang\(山西农业大学园艺学院, 太谷, 030801; 山西省农业科学院果树研究所, 太谷, 030815\)](#), [吴国良, WU Guo-liang\(山西农业大学园艺学院, 太谷, 030801; 河南农业大学园艺学院, 郑州, 450002\)](#), [李登科, 隋串玲, 赵爱玲, LI Deng-ke, SUI Chuan-ling, ZHAO Ai-ling\(山西省农业科学院果树研究所, 太谷, 030815\)](#), [冀爱青, JI Ai-qing\(晋中学院生物科学与技术学院, 山西榆次, 030600\)](#)

刊名: [植物遗传资源学报](#) 

英文刊名: [JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES](#)

年, 卷(期): 2010, 11(3)

## 参考文献(35条)

1. [Bar-Hen A;Chareosset A;Bourgoin M Relationship between genetic markers and morphological traits in maize inbred linescollection](#)[外文期刊] 1995(2)
2. [Karp A;Krcsovich S;Bhat K V Molecular tools in plant genetic resources conservation:a guide to the technologies](#) 1997
3. [Grenier C;Deu M;Kresovich S Assessment of Genetic Diversity in Three Subsets Constituted from the ICRISAT sorghum collection using random vs Non-Random Sampling Procedures,B.Using molecular markers](#) 2000
4. [贾敬贤;丛佩华 中国北方果树种质资源的保护与利用](#) 1999
5. [刘旭;曹永生;张宗文 农作物种质资源基本描述规范和术语](#) 2008
6. [董玉慧 枣树农艺性状遗传多样性评价与核心种质构建](#) 2008
7. [白碧霞 枣种质资源遗传多样性的分子评价及其核心种质的构建](#) 2008
8. [沈进;朱立武;张水明 中国石榴核心种质的初步构建](#)[期刊论文]-[中国农学通报](#) 2008(05)
9. [高志红;章镇;韩振海 中国果梅核心种质的构建与检测](#)[期刊论文]-[中国农业科学](#) 2005(02)
10. [刘勇;孙中海;刘德春 利用分子标记技术选择柚类核心种质资源](#)[期刊论文]-[果树学报](#) 2006(03)
11. [王力荣;朱更瑞;方伟超 果树种质资源保存、评价与共享利用现状比较](#) 2006
12. [Chrmet G;Balfourier F;Ravel C Genotype×environment interactions in a core collection of French perennial ryegrass populations](#) 1993
13. [Corley C;William F A Evaluation of a core collection to identify resistance to late leafspot in peanut](#) 1995
14. [李银霞;安丽君;姜全 桃品种核心种质的构建与评价](#)[期刊论文]-[中国农业大学学报](#) 2007(05)
15. [李银霞;高其洁;李天红 基于果实相关性状的桃品种初级核心种质取样策略研究](#)[期刊论文]-[果树学报](#) 2006(03)
16. [王庆芬 抗寒梨种质资源RAPD分子标记及其核心种质的初步构建](#) 2007
17. [田彬彬 寒地苹果种质枣园RAPD分子标记及其核心种质构建](#) 2007
18. [张雨春 新疆野苹果\(Malus sieversii\)群体遗传结构与核心种质构建方法](#) 2008
19. [Hokanson S C;Lamboy W F;Szewc-McFadden A K Microsatellite\(SSR\)variation in a collection of Malus \(apple\) species and hybrids](#) 2001
20. [Hokanson S C;Szewc-McFadden A K;Lamboy W F Microsatellite \(SSR\) markers reveal genetic identities,genetic diversity and relationships in a Malus x domestica borkh.core subset collection](#)

21. [Diwan N;Melntosh M S;Bauchan G R Methods of developing a core collection of annual Medicago species](#)[外文期刊] 1995(06)
22. [Brown A H D The core collection at the crossroads](#) 1995
23. [李自超 中国地方稻种质资源核心种质取样策略和表型及同工酶遗传多样性研究](#) 2001
24. [胡晋;徐海明;朱军 保留特殊种质材料的核心库构建方法](#)[期刊论文]-[生物数学学报](#) 2001(03)
25. [Hu J;Zhu J;Xu H M Methods of constructing cole collection by stepwise cluster with three sampling strategies based on genotypic values of crops](#)[外文期刊] 2000(1/2)
26. [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](#) 2005(增刊)
27. [Yonezawa K;Nomura T;Morishima H Sampling strategies for use in stratified germplasm collections](#) 1995
28. [李自超;张洪亮;曹永生 中国地方稻种质资源初级核心种质取样策略研究](#)[期刊论文]-[作物学报](#) 2003(01)
29. [Dahlerg J A;Zhang X;Hart G E Comparative assessment of variation among sorghum germplasm accessions using seed,morphology and RAPD measurements](#) 2002
30. [Michalik B;Grzebelus D;Baranski R Promotion of the use of East European Beta vulgaris germplasm collections.Molecular characterization,agronomic evaluation and genetic diversity studies of red garden beet\(Beta vulgaris\) genetic resources,as a complementary work to Project GENRES 42 of the European Union genetic resources programme 1467/94](#) 1997
31. [刘闯萍;王军;沈育杰 山葡萄资源核心种质的初步构建](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2008(03)
32. [Brown A H D The casefor core collections](#) 1989
33. [周明德 核心收集品的研究及其发展](#) 1994(增刊)
34. [崔艳华;邱丽娟;常汝镇 植物核心种质研究进展](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2003(03)
35. [李自超;张洪亮;孙传清 植物遗传资源核心种质研究现状与展望](#)[期刊论文]-[中国农业大学学报](#) 1999(05)

本文链接: [http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical\\_zwyczyxb201003022.aspx](http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201003022.aspx)