

# 基于形态性状的甘薯核心种质取样策略研究

李慧峰<sup>1,2</sup>, 陈天渊<sup>2</sup>, 黄咏梅<sup>2</sup>, 吴翠荣<sup>2</sup>, 李彦青<sup>2</sup>, 卢森权<sup>2</sup>, 陈雄庭<sup>3</sup>

(<sup>1</sup>海南大学农学院, 海口 570228; <sup>2</sup>广西农业科学院玉米研究所, 南宁 530227;

<sup>3</sup>中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海口 571101)

**摘要:**选取 15% 的总体取样比例, 采用 2 种分组方法、3 种组内取样量比例和 2 种组内个体选择方法, 分析了 476 份广西甘薯种质资源的 18 个农艺性状数据, 构建出 13 个甘薯初级核心种质样本。为确定这些样本的代表性, 分别与总体进行了 5 个指标的比较, 包括表型保留比例、表型频率方差、遗传多样性指数、变异系数、极差符合率。结果表明, 按资源类型分组优于按来源地分组; 组内取样量以对数法代表性最好, 简单比例法的代表性其次, 平方根法最差; 在个体选择中, 最小距离逐步取样法优于随机法。因此, 按资源类型分组, 再按对数比例法确定组内取样量, 通过最小距离逐步取样法选择个体是甘薯核心种质构建的最佳取样策略。

**关键词:**甘薯; 核心种质; 取样策略

## Sampling Strategies of Sweet Potato Core Collection Based on Morphological Traits

LI Hui-feng<sup>1,2</sup>, CHEN Tian-yuan<sup>2</sup>, HUANG Yong-mei<sup>2</sup>, WU Cui-rong<sup>2</sup>,

LI Yan-qing<sup>2</sup>, LU Sen-quan<sup>2</sup>, CHEN Xiong-ting<sup>3</sup>

(<sup>1</sup>College of Agronomy, Hainan University, Haikou 570228;

<sup>2</sup>Institute of maize research, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530227;

<sup>3</sup>Institute of Tropical Bioscience and Biotechnology, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou 571101)

**Abstract:** With 15% sampling ratio, two ways in dividing groups, three ways in determining sampling numbers in each group, and two methods for selecting individuals, 18 agronomic characteristics of 476 sweet potato accessions in Guangxi province were analyzed and 13 samples of primary core collections were developed. To determine the effectiveness, each of primary core collection was compared with the whole collection for 5 parameters including ratio of phenotype retained, variance of phenotypic frequency, index of genetic diversity, coefficient of variation, and coincidence rate of range. The result showed that the way of according to the resources type was significantly better than according to the source in developing core collection. Among the methods to determine the sampling numbers in each group, logarithm method was the best, followed by proportioned and square root method. On the selection of individuals, least distance stepwise sampling method was better than random method. Therefore, the optimum sampling strategy for developing sweet potato core collection is firstly to group by resource type, then determine the sampling numbers in each group by proportion of logarithm, and finally choose individuals through least distance stepwise sampling method.

**Key words:** Sweet potato; core collection; sampling strategy

收稿日期: 2012-03-29 修回日期: 2012-05-08 网络出版日期:

URL:

**基金项目:** 国家甘薯产业技术体系南宁综合试验站资助项目 (CARS-11-C-19); 广西科技合作与交流项目 (桂科合 1140010-2); 广西农科院基本科研业务专项资助项目 (桂农科 2011 YZ05); 广西农业科学院科技发展基金项目 (201002)

**作者简介:** 李慧峰, 在读博士, 助理研究员。研究方向: 主要从事甘薯遗传育种研究。E-mail: lihweifeng2010@126.com

通信作者: 陈雄庭, 博士, 研究员。研究方向: 农业生物技术育种研究。E-mail: cxt66988063@163.com

甘薯 [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] 是起源于南美洲热带地区的一种作物, 自 16 世纪起引入我国, 因其具有高产、稳产、适应性强等特点而深受国人的喜爱, 种植范围非常广泛。由于甘薯为无性繁殖作物, 为保持种苗健壮, 甘薯圃保存资源需要在 1 年中进行多次的繁苗和更新, 费时费力。同时, 没有经过充分的特性描述和较深入的基因评价的种质资源, 利用率较低, 保存费用较大, 并难于实现其应有的价值<sup>[1]</sup>。核心种质概念的提出及发展<sup>[2-5]</sup>, 为解决这一问题提供了方法。据国际植物遗传资源研究所统计, 至 2005 年已有 15 个国家建立了包括牧草、大田作物、园艺作物、油料及经济作物等 60 多种作物的核心种质<sup>[6]</sup>。我国学者在核心种质研究的理论及方法上也有不少新的建树和作为<sup>[7-12]</sup>, 并在小麦<sup>[13]</sup>、花生<sup>[14]</sup>、蜡梅<sup>[15]</sup>、黍稷<sup>[16]</sup>、青蒿<sup>[17]</sup>、马铃薯<sup>[18]</sup>、苧麻<sup>[19]</sup>、砂梨<sup>[20]</sup>等作物上建立了核心种质。本研究主要通过比较不同取样方法构建的初级核心种质, 从而探索最佳取样策略, 为构建甘薯核心种质提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

试验材料为广西农科院玉米研究所保存的 476 份甘薯种质资源。

**1.1.1 形态指标的测量** 甘薯的性状鉴定及其生长期记载根据通用标准《甘薯种质资源描述规范和数据标准》<sup>[21]</sup> 进行, 全生育期随机抽取典型性状的植株 5 株, 调查、测量、记载 18 项形态性状, 包括茎叶生长势、顶叶色、叶片形状、中裂片形状、叶色、叶脉色、茎色、株型、自然开花习性、丰产性、薯形、薯皮色、薯肉色、最长蔓长、节间长、茎直径、基本分枝、干物率。

**1.1.2 形态性状的赋值和标准化处理** 在上述 18 项性状中, 可分为 2 类性状: (1) 质量性状: 包括茎叶生长势、顶叶色等 13 项性状, 对其进行赋值处理, 赋值情况如表 1; (2) 数量性状: 包括基部分枝数、最长蔓长、茎直径、节间长和干物率等, 对这些性状的基本分析采用原数值数据, 在计算形态性状的表型保留比例、表型频率方差和多样性指数以及综合利用质量性状和数量性状对种质进行聚类时, 对所有的数量性状进行质量化处理, 即数据均依均值 ( $\bar{X}$ ) 和标准差 ( $\sigma$ ) 分为 10 级, 1 级为  $X_i \leq \bar{X} - 2\sigma$ , 10 级为  $X_i > \bar{X} + 2\sigma$ , 中间每级间差为  $0.5\sigma$ 。

表 1 甘薯质量性状的赋值

Table 1 Value assignment of qualitative characteristics in sweet potato

性状 Characteristic	赋值 Value assignment
茎叶生长势 Growth potential of stems and leaves	强 = 1, 中 = 2, 弱 = 3
顶叶色 Parietal lobe color	浅绿 = 1, 绿 = 2, 紫绿 = 3, 褐绿 = 4, 浅紫 = 5, 紫 = 6, 褐 = 7, 金黄 = 8, 红 = 9
叶片形状 Leaf shape	圆 = 1, 肾 = 2, 心 = 3, 尖心 = 4, 三角 = 5, 缺刻 = 6
中裂片形状 Segments in shape	齿状 = 1, 三角 = 2, 半圆 = 3, 半椭圆 = 4, 椭圆 = 5, 披针 = 6, 倒披针 = 7, 线形 = 8
叶色 Leaf color	浅绿 = 1, 绿 = 2, 紫绿 = 3, 褐绿 = 4, 浅紫 = 5, 紫 = 6, 褐 = 7, 金黄 = 8, 红 = 9
叶脉色 Leaf vine color	浅绿 = 1, 绿 = 2, 黄 = 3, 浅紫 = 4, 紫 = 5, 紫斑 = 6
茎色 Stem color	浅绿 = 1, 绿 = 2, 紫红 = 3, 浅紫 = 4, 紫 = 5, 深紫 = 6, 褐 = 7
株型 Plant type	直立 = 1, 半直立 = 2, 匍匐 = 3, 攀缘 = 4
自然开花习性 Natural bloom habits	偶然 = 1, 少 = 2, 中 = 3, 多 = 4, 不开花 = 5
丰产性 Yielding ability	低 = 1, 中 = 2, 高 = 3
薯形 Root shape	球形 = 1, 短纺锤 = 2, 纺锤 = 3, 长纺锤 = 4, 上膨纺 = 5, 下膨纺 = 6, 筒形 = 7, 弯曲 = 8, 不规则 = 9
薯皮色 Root skin color	白 = 1, 淡黄 = 2, 棕黄 = 3, 黄 = 4, 褐 = 5, 粉红 = 6, 红 = 7, 紫红 = 8, 紫 = 9, 深紫 = 10
薯肉色 Root flesh color	白 = 1, 淡黄 = 2, 黄 = 3, 橘黄 = 4, 橘红 = 5, 粉红 = 6, 红 = 7, 紫红 = 8, 紫 = 9, 深紫 = 10

### 1.2 方法

**1.2.1 总体取样比例** 总体取样比例选择了 15% 的取样水平。为了避免主要生物类型的遗漏, 每个分组内保证至少有 1 份样品入选。

**1.2.2 取样策略** 取样策略包括分组原则、组内取样比例的确定和组内个体的选择。分组原则包括来源地和资源类型 2 种原则以及全部材料不分组的完全随机。来源地是以种质资源从不同省份或国家收集为标准划分; 资源类型分为选育品种、地方品种、品系、野生资源共 4 个类别。分组后, 组内取样比例的确定分别采用按组内个体数量的简单比例 (simple proportion, P)、平方根比例 (proportion of square root, S) 和对数比例 (proportion of logarithm,

L)3 种方法。组内取样采用最小距离逐步取样 (least distance stepwise sampling, LDSS)<sup>[22]</sup>法和随机法。

简单比例法、平方根比例法和对数比例法取样的公式:

$$\text{简单比例, } N_p = \frac{X_i}{\sum_{i=1}^n X_i}$$

$$\text{平方根比例, } N_s = \frac{\sqrt{X_i}}{\sum_{i=1}^n \sqrt{X_i}}$$

$$\text{对数比例, } N_L = \frac{\text{Log}X_i}{\sum_{i=1}^n \text{Log}X_i}$$

$X_i$  为第  $i$  组中样品数,  $n$  为所涉及的性状总数。

**1.2.3 评价指标** 根据前人的研究结果<sup>[9,12,23-24]</sup>, 本研究选择了表型保留比例、表型频率方差、遗传多样性指数、变异系数、极差符合率等 5 个参数作为不同取样方案的评价指标。各指标计算公式如下:

(1) 表型保留比例 (ratio of phenotype retained, RPR)

$$RPR = \frac{\sum_i M_i}{\sum_i M_{i0}}$$

(2) 表型频率方差 (variance of phenotypic frequency, VPF)

$$VPF = \frac{\sum_i \frac{\sum_j (P_{ij} - \bar{P}_i)^2}{M_i - 1}}{N}$$

(3) 遗传多样性指数 (index of genetic diversity, I)

$$I = \frac{-\sum_i \sum_j P_{ij} \log P_{ij}}{N}$$

(4) 变异系数 (coefficient of variation, CV)

$$CV = \frac{\sum_j \frac{(X_{ij} - \bar{X}_i)^2}{M_i - 1}}{\bar{X}_i}$$

(5) 极差符合率 (coincidence rate of range, CR)

$$CR = \frac{1}{N} \sum \frac{R_{C(i)}}{R_{I(i)}} 100\%$$

$M_{i0}$  为原始群体第  $i$  个性状的表现型个数;  $M_i$  为所得核心样本第  $i$  个性状的表现型个数;  $P_{ij}$  为第  $i$  个性状第  $j$  个表现型的频率;  $\bar{P}_i$  为第  $i$  个性状各表型频率的平均;  $X_{ij}$  为第  $i$  个性状第  $j$  个材料的表型值;  $\bar{X}_i$  为第  $i$  个性状各表型的平均值;  $R_{C(i)}$  为核心样品第  $i$  个性状的极差,  $R_{I(i)}$  为原始群体第  $i$  个性状的极差;  $N$  为计算过程中所涉及的性状总数。

**1.2.4 数据统计分析** 数量性状的质量化、各指标的计算均在 Microsoft Office Excel 2007 中进行, 各组材料的聚类分析在 SPSS 16.0 软件中进行。

## 2 结果与分析

### 2.1 采用不同取样策略构建甘薯初级核心种质样本

以 15% 的总体取样比例, 将甘薯材料按来源地和资源类型分为 2 组, 然后采用简单比例 (P)、平方根比例 (S) 和对数比例 (L) 3 种方法确定分组后每一组的取样量, 最后采用随机法和最小距离逐步取样法选取组内个体, 加上完全随机法抽取的 1 个样本, 共形成了 13 个甘薯初级核心种质库 (表 2)。不同核心种质的样本容量变化范围为 71 ~ 87, 取样比例变化范围为 14.92% ~ 18.28%。

表 2 不同取样策略构建的甘薯核心种质样本

Table 2 The core collection samples of sweet potato structured with different sampling strategies

样本 Sample	分组原则 Grouping principle	组内取样方法 Sampling method in group	个体选择 Selection of individual	样本容量 Sample capacity	取样规模 (%) Sampling scale
S-1	来源地	简单比例	最小距离逐步取样法	84	17.65
S-2	来源地	平方根比例	最小距离逐步取样法	79	16.60
S-3	来源地	对数比例	最小距离逐步取样法	87	18.28
S-4	来源地	简单比例	随机法	84	17.65
S-5	来源地	平方根比例	随机法	79	16.60
S-6	来源地	对数比例	随机法	87	18.28
S-7	资源类型	简单比例	最小距离逐步取样法	73	15.34
S-8	资源类型	平方根比例	最小距离逐步取样法	71	14.92

表 2(续)

样本 Sample	分组原则 Grouping principle	组内取样方法 Sampling method in group	个体选择 Selection of individual	样本容量 Sample capacity	取样规模(%) Sampling scale
S-9	资源类型	对数比例	最小距离逐步取样法	74	15.55
S-10	资源类型	简单比例	随机法	73	15.34
S-11	资源类型	平方根比例	随机法	71	14.92
S-12	资源类型	对数比例	随机法	74	15.55
S-13	—	—	完全随机	80	16.81

— 表示未分组

— mean not group

## 2.2 不同初级核心种质样本之间相关参数的比较

### 2.2.1 不同核心种质样本表型保留比例的比较

表型保留比例(*RPR*)表示核心种质中所保留表型值的数量与原始库中表型总量的比例,在一定程度上表现了所保留变异的丰度。核心种质的*RPR*越大,表明在核心种质中包含的变异越丰富。通过对18个性状的*RPR*进行综合分析可知(表3),在分组原则下,按来源地分组的表型保留比例最高,不分组的表型保留比例最低;取样比例中,对数比例的表型

比例最高,简单比例最低;个体选择中,最小距离逐步取样法的*RPR*高于随机法。在13个核心样本的*RPR*比较分析中(表4),样本S-3的表型保留比例最高,表明该核心样本很好地保留了原始群体18个农艺性状的表型特征;样本S-2排在第2位;样本S-5、S-10并列最低;完全随机样本S-13排在第8位;样本S-1、S-7、S-8、S-9的*RPR*值相同,则表明这4个核心样本在18个性状的整体表型保留上没有差异。

表 3 取样方法在不同参数中的秩次分析

Table 3 Order analysis of sampling method in different parameters

参数 Parameter	分组原则 Grouped principle			取样比例 Sampling proportion			个体选择 Individual selection	
	来源地 Source	资源类型 Resource type	不分组 Non-group	简单比例 Simple proportion	平方根比例 Proportion of square root	对数比例 Proportion of logarithm	最小距离 逐步取样法 LDSS	随机法 Random
	表型保留比例 <i>RPR</i>	1	2	3	3	2	1	1
表型频率方差 <i>VPF</i>	3	1	2	3	2	1	1	2
遗传多样性指数 <i>I</i>	2	1	3	2	3	1	1	2
变异系数 <i>CV</i>	3	1	2	1	3	2	1	2
极差符合率 <i>CR</i>	3	2	1	1	2	3	1	2
秩次 <i>Rank</i>	3	1	2	2	3	1	1	2

### 2.2.2 不同核心种质样本表型频率方差的比较

表型频率方差(*VPF*)主要用于估计群体的均度,所得值越小,所代表的方法越好。通过对18个性状的*VPF*分析可知,在分组原则中,按资源类型分组的表型频率方差值最小,方法最好;按来源地的表型频率方差最大,方法最差;不分组的方法居中。在取样比例中,对数比例最好,平方根比例次之,简单比例最差;个体选择中最小距离逐步取样法优于随机法(表3)。从13个样本的*VPF*比较可知,样本S-9的表型频率方差最小,其代表的取样方法最好,能够很好地反映原始群体变异的均度;样本S-4的表型频率方差最大,其代表的方法最差,其代表的核心样本

变异均度也最差;样本S-13的表型频率方差居中,其代表的核心样本变异均度适中(表4)。

### 2.2.3 不同核心种质样本遗传多样性指数的比较

遗传多样性指数(*I*)是一种多样性估计的综合性参数,既考虑了群体中变异的丰度,又考虑了群体中变异的均度。*I*值越大,所得核心种质中变异类型越丰富,变异的均度越高。由18个性状的*I*值比较分析可知,在分组原则中,按资源类型分组的遗传多样性指数最高,按来源地次之,不分组最低;在取样比例中,对数比例最高,简单比例次之,平方根比例最低;个体选择中,最小距离逐步取样法优于随机法(表3)。13个样本的*I*值比较表明,

表 4 甘薯不同核心种质样本相关参数的综合比较

Table 4 Comparison on different parameters among different samples of sweet potato core collection

样本 Sample	表型保留比例 RPR	表型频率方差 VPF	遗传多样性指数 I	变异系数 CV	极差符合率 CR	总和 Sum	综合排名 Order
S-1	3	6	4	4	3	20	4
S-2	2	3	5	6	4	20	4
S-3	1	5	6	7	6	25	5
S-4	8	13	11	12	10	51	10
S-5	9	11	13	13	11	54	11
S-6	4	8	12	11	9	44	8
S-7	3	4	3	1	1	12	3
S-8	3	2	2	2	2	11	2
S-9	3	1	1	3	2	10	1
S-10	9	12	10	9	8	45	9
S-11	7	10	9	8	7	43	7
S-12	6	9	8	5	12	43	7
S-13	5	7	7	10	5	37	6

样本 S-9 的遗传多样性指数最高,能够很好的代表原始群体变异的丰度和均度;样本 S-5 最低,其群体变异的丰度和均度与原始群体相比,代表性最差;样本 S-13 即不分组的大随机样本遗传变异指数值居中。

**2.2.4 不同核心种质样本变异系数的比较** 变异系数(CV)在一定程度上表现了各种表现型的分布情况,用于估计群体的均度。CV 越大,表明所得核心种质中各性状的分布越均匀,遗传冗余度越小。在分组原则下,按资源类型分组的变异系数最大,不分组次之,来源地分组最差;取样比例中,简单比例法变异系数最大,对数比例次之,平方根比例最小;个体选择上最小距离逐步取样法优于随机法(表 3)。通过对 13 个核心样本 5 个数量性状的 CV 分析可知,样本 S-7 的变异系数最大,其代表的核心样本在 5 个数量性状上的分布最均匀,遗传冗余度最小;样本 S-5 的变异系数最小,其代表的核心样本在 5 个数量性状上的分布均匀度最差,遗传冗余度最大;样本 S-13 的变异系数排名第 10,表明不分组的大随机核心样本中,5 个数量性状分布的均匀度和冗余度都较差(表 4)。

**2.2.5 不同核心种质样本极差符合率的比较** 极差符合率(CR)是通过各个数量性状的极差占总体样本各性状极差的百分比求均值而得,反映的是各

个表型数量性状的变异范围和离散程度。CR 越大,表明所得核心种质中各数量性状的变异越大。在分组原则下,不分组的 CR 最大,按资源类型次之,按来源地分组最小;取样比例中,简单比例 CR 最大,平方根比例次之,对数比例最小;个体选择上最小距离逐步取样法优于随机法(表 3)。通过对 5 个数量性状的 CR 分析可知,样本 S-7 的 CR 最大,则表明其代表的核心样本在 5 个数量性状的极差差异与原始群体最符合,很好的反映了 5 个数量性状的变异范围和离散程度;样本 S-8 和 S-9 的 CR 值相同位列第 2 位,样本 S-12 的最小,样本 S-13 的排名第 5 (表 4)。

## 2.3 不同取样方法和初级核心种质样本的综合分析

**2.3.1 不同取样方法的综合分析** 就取样策略的各个层次而言,5 个参数的综合比较表明:(1)分组原则中按资源类型分组为最佳选择,不分组次之,按来源地分组最差;(2)取样比例中以对数比例为最佳选择,简单比例次之,平方根比例最差;个体选择则以最小距离逐步取样法为最佳选择,5 个参数均优于随机法。

**2.3.2 不同初级核心种质样本取样策略的综合分析** 通过对表型保留比例、表型频率方差、遗传多样性指数、变异系数、极差符合率 5 个参数的综合分析比较,按照它们的代表性对 13 个初级核心种质样本进行综合排序,样本 S-9 排在第 1 位,即采取按资源类型分组、对数比例法确定组内取样比例和最小距离逐步取样法选取个体的取样策略为构建甘薯核心种质的最佳方法。样本 S-8、S-7 分别排在第 2、第 3 位,这 2 种方法都采用了资源类型分组和最小距离逐步取样法,只在取样比例上分别采用了平方根比例和简单比例;样本 S-13 即采取不分组的完全随机取样策略排在中间位置;样本 S-5 即采取按来源地分组、平方根比例和随机法取样的策略代表性最差(表 4)。

## 3 讨论

### 3.1 总体取样比例的确定

对于核心种质的总体取样比例,前人已做了多方面的研究。根据中性理论模型,核心种质样品应占整个种质资源的 5% ~ 10%<sup>[4]</sup>。张洪亮等<sup>[9]</sup>认为,核心种质所占总资源的比例应根据总收集品的大小来决定,总收集品份数多的物种其核心种质所占的比例可小一些,总收集品份数较少的物

种核心种质所占比例可相对大一些,农作物上大多是5%~15%<sup>[15]</sup>。当达到和超过50%时,核心种质的样本量就会很大,这不符合核心种质的特征要求。本研究根据所研究的甘薯种质资源群体大小,结合前人经验,确定了15%的总体比例。在具体构建的13个样本中,有2个样本达到了18.28%,2个样本达到了17.65%,3个样本达到了16.60%,其余6个样本则在15%左右。采用来源地分组的平均样本比例为17.34%,而采用资源类型分组的平均样本比例为15.27%,两者相差2个百分点以上,造成这一差别的主要原因在于分组的不同。特别是为了避免极少数生物类型的遗漏,设定每个分组中至少要有一份材料入选,从而分组数量多的策略所构建的核心样本容量就会偏大。目前关于甘薯核心种质的构建国内还未见报道,具体的取样规模和取样比例还没有一个依据,在甘薯核心种质的构建研究中,本研究组将做进一步的研究。

### 3.2 具体取样策略的确定

核心种质的构建首先应该确定合适的取样策略。具体的取样策略主要包括3个方面的内容,即分组原则,组内个体比例的确定和组内个体的选择。分组原则是充分考虑生物多样性的遗传层次结构,将种质资源划分成若干小组。常见的分组原则有按分类体系分组、按地理及农业生态分组、按育种体系分组和多数数据分组等。不同的作物应根据所收集资源的特征进行分组。Grenier等<sup>[25]</sup>在构建高粱核心种质过程中,使用了基于生态和地理位置分组的方法。李娟等<sup>[26]</sup>在中国茶树核心种质构建研究中,首先按生态区将茶树分成华南、西南、江南和江北茶区4组。李自超等<sup>[27]</sup>在研究云南稻种资源初级核心种质取样策略时提出以丁颖分类体系分组和程王分类体系进行分组,其效果都优于以生态区划或行政地区分组。本研究以甘薯种质资源的来源地和资源类型进行分组,并与不分组的整体样本进行了比较分析,结果表明按照资源类型分组构建的核心种质更具有代表性。组内取样比例常采用的方法有简单比例法、平方根比例法、对数比例法和遗传多样性比例法,个体选择一般有聚类法和随机法。邱丽娟等<sup>[8]</sup>利用20种取样方法构建了中国大豆的初级核心种质,通过分析比较,在确定组内取样量时,比例法和平方根法对总体的代表性优于多样性指数法;在个体选择时,聚类法对总体的代表性优于随机法。本研究对比分析了不同比例法构建的核心

样本,结果发现,采用对数比例法构建的核心种质最具有代表性,简单比例法次之,平方根比例最差。在选择个体材料时,采用最小距离逐步取样聚类法的结果明显优于随机法,这与前人的研究结果一致。

### 3.3 利用形态性状和分子标记技术研究核心种质

传统构建核心种质的方法一般以形态或农艺性状等数量性状标记为主。但是形态或农艺性状等标记不仅易受外界环境的影响,而且往往受到多个基因的控制,获得的结果不一定准确。而分子标记具有快速、准确、高效、不受外界环境以及基因之间互作的影响等特点,能很好的用于构建核心种质。目前,已有基于分子标记技术构建核心种质的研究<sup>[28-29]</sup>。形态、农艺性状、分子标记构建核心种质有各自的优点和不足,基于这2类信息的个体遗传差异评价以及群体的分类往往存在较大的差异,因此采用合理的策略直接整合这2类不同的数据信息,才能保证所建核心种质的代表性<sup>[30-31]</sup>。本研究中仅利用了形态标记数据,有一定的局限性,将在今后结合分子标记技术做进一步的研究。

### 参考文献

- [1] 李慧峰,卢森权,李彦青,等. 广西甘薯核心种质构建初探[J]. 广西农业科学,2010,41(7):732-735
- [2] Frankel O H. Genetic perspective of germplasm conservation [M]//Arber W, Llimensee K, Peacock W J, et al. Genetic Manipulation: Impact on Man and Society. Cambridge: Cambridge Univ Press, 1984:161-170
- [3] Frankel O H, Brown A H D. Plant genetic resources today: a critical appraisal [M]//Holden J H W, Wuimms J T. Crop genetic resources: Conservation and evaluation. London: George Allen and Unwin, 1984:249-257
- [4] Brown A H D. The case for core collections [M]//Brown A H D, Frankel O H, Marshall R D, et al. The use of plant genetic resources. Cambridge: Cambridge Univ Press, 1989:136-156
- [5] Brown A H D. Core collections: a partial approach to genetic resources management [J]. Genome, 1989, 31:818-824
- [6] 刘鑫铭,刘崇怀,张国海,等. 葡萄核心种质建立的构想[J]. 中国农学通报,2010,26(2):257-261
- [7] 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,2002,9(1):21-24
- [8] 邱丽娟,曹永生,常汝镇,等. 中国大豆核心种质构建及其取样方法研究[J]. 中国农业科学,2003,36(12):1442-1449
- [9] 张洪亮,李自超,曹永生,等. 表型水平上检验水稻核心种质的参数比较[J]. 作物学报,2003,29(1):20-24
- [10] 胡晋. 构建植物遗传资源核心种质新方法的研究[D]. 杭州:浙江大学学位论文,2006
- [11] 魏志刚,高玉池,刘关君,等. 白桦核心种质构建的聚类方法研究[J]. 植物遗传资源学报,2009,10(3):405-410
- [12] 张恩来,张宗文,王天宇,等. 构建我国燕麦核心种质的取样策略研究[J]. 植物遗传资源学报,2008,9(2):151-156
- [13] 董玉琛,曹永生,张学勇,等. 中国普通小麦初选核心种质的产生[J]. 植物遗传资源学报,2003,4(1):1-8

- [14] 姜慧芳,任小平,廖伯寿,等. 中国花生核心种质的建立[J]. 武汉植物学研究,2007,25(3):289-293
- [15] 赵冰,张启翔. 中国蜡梅种质资源核心种质的初步构建[J]. 北京林业大学学报,2007,29(s):16-21
- [16] 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
- [17] 彭锐,钟国跃,李隆云,等. 我国青蒿初选核心种质的构建[J]. 中国中药杂志,2009,34(23):3008-3012
- [18] 孙邦升. 高淀粉马铃薯种质资源核心样品的初建[J]. 作物杂志,2009(6):26-30
- [19] 陈建华,栾明宝,许英,等. 苧麻种质资源核心种质构建[J]. 中国麻业科学,2011,33(2):59-64-[20] 张靖国,胡红菊,田瑞,等. 中国砂梨初级核心种质的构建[J]. 湖北农业科学,2011,50(8):1590-1592
- [21] 张允刚,房伯平. 甘薯种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2006:75-79
- [22] 王建成,张文兰,陈利容,等. 小麦核心种质取样方法及取样比例研究[J]. 山东农业科学,2007(6):35-38
- [23] 徐海明,胡晋,朱军. 构建作物种质资源核心库的一种有效抽样方法[J]. 作物学报,2000,26(2):157-162
- [24] 贺学勤. 中国甘薯地方品种的遗传多样性分析[D]. 北京:中国农业大学,2004
- [25] Grenier C, Bramel-Cox P J, Hamon P. Core collection of sorghum: 1. Stratification based on eco-geographical data [J]. Crop Sci, 2001, 41: 234-240
- [26] 李娟,江昌俊. 中国茶树核心种质的初步构建[J]. 安徽农业大学学报,2004,31(3):282-287
- [27] 李自超,张洪亮,曾亚文,等. 云南地方稻种资源核心种质取样方案研究[J]. 中国农业科学,2000,33(5):1-7
- [28] 刘勇,孙中海,刘德春,等. 利用分子标记选择柚类核心种质资源[J]. 果树学报,2006,23(3):339-345
- [29] 张春雨,陈学森,张艳敏,等. 采用分子标记构建新疆野苹果核心种质的方法[J]. 中国农业科学,2009,42(2):597-604
- [30] 何余堂. 陕西省白菜型油菜核心种质的初步构建[J]. 中国油料作物学报,2002,24(1):6-9
- [31] 郝晨阳,王兰芬,董玉琛,等. 我国西北春麦小麦育成品种遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 植物遗传资源学报,2003,4(4):285-291