

# 灰楸形态多样性分析及核心种质初步构建

李秀兰<sup>1,2</sup>, 贾继文<sup>2</sup>, 王军辉<sup>2</sup>, 麻文俊<sup>2</sup>, 马建伟<sup>3</sup>, 赵秋玲<sup>3</sup>

(<sup>1</sup> 三峡大学化学与生命科学学院, 湖北宜昌 443002; <sup>2</sup> 中国林业科学研究院林业研究所/林木遗传育种国家重点实验室/国家林业局林木培育重点实验室, 北京 100091; <sup>3</sup> 甘肃省小陇山林业科学研究所, 天水 741022)

**摘要:** 根据对 267 个灰楸的 15 个相关性状的方差和主成分等统计分析结果, 评价灰楸种质资源的形态多样性。并且将种质资源按地理流域进行分组, 以欧氏距离结合离差平方和的方法进行系统聚类, 以生产或育种过程中起过重要作用的品种为必选材料, 初步构建了 63 份核心种质, 占总种质的 23.6%。63 份核心种质和总种质遗传多样性 *t* 检验未达到显著水平, 表明初步构建的灰楸核心种质能代表总体资源的遗传多样性。

**关键词:** 灰楸; 核心种质; 形态多样性; 主成分分析; 聚类分析

## Morphological Diversity Analysis and Preliminary Construction of Core Collection of *Catalpa fargesii* Bureau

LI Xiu-lan<sup>1,2</sup>, JIA Ji-wen<sup>2</sup>, WANG Jun-hui<sup>2</sup>, MA Wen-jun<sup>2</sup>, MA Jian-wei<sup>3</sup>, ZHAO Qiu-ling<sup>3</sup>

(<sup>1</sup> College of Chemical and life Science, Three Gorges University, Yichang 443002; <sup>2</sup> Key Laboratory of Tree Breeding and Cultivation, State Forestry Administration/State Key Laboratory of Tree Genetics and Breeding/Research Institute of Forestry, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091; <sup>3</sup> Xiaolongshan Forestry Science and Technology Research Institute, Tianshui 741022)

**Abstract:** Using 267 accessions of *Catalpa fargesii* Bur. as test materials, 15 morphological traits were carried out, then principal components and cluster analysis were performed. The results were used to evaluate the morphological diversity of *Catalpa fargesii* Bur. germplasm resource. Moreover, basing on geographical distribution and phenotypic data, sum of squares method, and Euclidean distance were used to perform hierarchical cluster. Varieties or lines having made great contribution in the breeding and production are priority entries in sampling and 63 accessions of core collection were constructed preliminarily, accounting for 23.6% of the total 267 accessions. The results showed that genetic diversity of the 63 core collections had no significant difference with total accessions, which meant that the 63 core collections of *Catalpa fargesii* Bur. could represent the genetic diversity of the total. This lays foundation for study, effective use, and conservation of *Catalpa fargesii* Bur. to some extent.

**Key words:** *Catalpa fargesii* Bur.; core collection; morphological diversity; principal component analysis; cluster analysis

构建核心种质是以最少的种质份数, 最低的遗传重复, 集成种内群体——家系——个体, 最大限度地代表种内遗传多样性<sup>[1]</sup>。核心种质库可作为有利基因挖掘、新技术应用和资源深入研究的优先样品集, 能够提高种质资源的利用效率。从 Frankel 提出核心种质的概念至今的 20 多年中, 核心种质的研究已经取得了很大的进展, 我国对部分农作物和树

种核心种质的构建已有了一些探索性研究, 如小豆<sup>[2]</sup>、小麦<sup>[3]</sup>、黍稷<sup>[4]</sup>、花生<sup>[5]</sup>、水稻<sup>[6]</sup>、大豆<sup>[7]</sup>、桃<sup>[8]</sup>、茶树<sup>[9]</sup>、石榴<sup>[10]</sup>、白桦<sup>[11]</sup>、果莓<sup>[12]</sup>等均已建立或初步建立了核心种质库。以往的研究多数是基于形态性状等表型数据来构建核心种质的, 随着科学技术的高速发展, 生物学领域中一些前沿的技术成果应用到核心种质的研究中。分子标记是近年来

收稿日期: 2012-04-15 修回日期: 2012-06-17 网络出版日期: 2013-01-30

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20130130.1616.005.html>

基金项目: 国家“十二五”科技支撑计划课题(2012BAD21B03); 农业成果转化资金项目(2008GB24320414)

作者简介: 李秀兰, 硕士研究生。研究方向: 楸树的遗传多样性及亲缘关系。E-mail: shengtailan@126.com

通信作者: 王军辉, 研究员。研究方向: 楸树和云杉的遗传育种。E-mail: wangjh@caf.ac.cn

才发展起来的一种十分有效快速的研究手段,在构建核心种质时具有其独特的优点。刘玉皎等<sup>[13]</sup>利用 AFLP 标记技术构建青海蚕豆的核心种质;崔艳华等<sup>[7]</sup>利用 SSR 标记对黄淮夏大豆初选核心种质进行了检测;李娟等<sup>[14]</sup>利用 RAPD 标记对中国茶树初选的核心种质进行了分析,结果表明这种通过种质资源的遗传结构、遗传多样性和遗传距离来构建核心种质的方法是较好的选择。

灰楸 (*Catalpa fargesii* Bur.) 属紫葳科梓树属,为我国的特有植物,以材质优良、树姿优美著称,主要分布在渭河流域、泾河流域、汾河流域和秦岭山地<sup>[15]</sup>,黄河流域也有分布。灰楸是我国优良的绿化和珍贵用材树种,也是西北和华北地区珍贵的乡土树种,占有重要的生态地位。灰楸种子在自然条件下萌发力低,木材生长缓慢,已列入国家二级保护树种,因此灰楸选育、栽培一直被列为研究重点。以往的研究都集中在灰楸的嫁接育苗、组织培养和虫害防治等方面,对种质资源遗传方面的研究较少,因此有必要了解种质资源多样性的组成特点和分布状况,促进灰楸种质资源的鉴定和有效利用。而种质资源是遗传多样性的载体,表型多样性参数指标是生物遗传多样性间接的表型反映,因此运用表型多样性参数来检测遗传变异是最直接简便的方法<sup>[16-17]</sup>。构建灰楸核心种质,便于深入研究和加强利用,同时确定灰楸种质资源遗传多样性的水平和

分布特点。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料来源

267 份灰楸材料来自于 2007 年搜集的灰楸资源 1 年生梓树嫁接苗,这些灰楸材料原生长地分别位于甘肃省、山西省、陕西省和河南省。材料收集是根据灰楸资源分布状况,按照县域选择生长和抗虫性状良好的植株。267 份材料采自 20 个县域,其中甘肃省有 211 份、山西省 28 份、河南省 24 份、陕西省 4 份。试验地位于甘肃天水麦积区崖湾村,位于秦岭北坡、渭河支流川台区,地理纬度 105°54'37"E、34°28'50"N,平均海拔 1160 m。年均降雨量 600 ~ 800 mm,年均蒸发量 1290.0 mm,年均气温 10.7 °C,无霜期约 190 d。

### 1.2 性状的测量方法及标准

试验采用完全随机区组设计,每份种质嫁接 9 株,3 次重复,砧木选用 1 年生梓树。每份种质在同一重复内选择大小一致、生长良好、没有遮荫的 3 株,在每株树的倒数第 5 ~ 6 轮选择完全展开、无病虫害的 3 片成熟叶片。测量叶长、叶宽、叶柄长、节间距,计算叶面积、叶总数;调查后的叶片,再进行单位面积含水量及鲜/干比叶重的测定。每份种质选择生长良好、没有遮荫的 9 株,调整皮孔数、测量相对叶绿素含量及叶绿素荧光,具体标准见表 1。

表 1 灰楸 15 个性状的测量标准

Table 1 The measurement criteria of 15 morphological traits of *Catalpa fargesii* Bur.

编号 Code	性状 Trait	测量标准 Measurement criteria
X1	苗高 (cm)	苗木高生长停止后进行调查,每份种质调查 27 株,取其平均值
X2	地径 (mm)	苗木高生长停止后进行调查,每份种质调查 27 株,取其平均值
X3	节间距 (cm)	一轮叶痕到另一轮叶痕之间的距离,每株调查树干中部的 3 轮
X4	叶总数	记录单株的叶片总数,每个重复 3 株
X5	叶长 (cm)	从叶片基部到叶片顶端的长度
X6	叶宽 (cm)	每片叶最宽处标记为该叶片的叶片宽
X7	叶柄长 (cm)	从叶片基部到叶柄基部的距离
X8	叶绿素	用仪器 SPAD-502 测量相对叶绿素
X9	叶绿素荧光	用仪器 OS-30P 测量叶绿素荧光,代表光能转化效率
X10	叶面积 (cm <sup>2</sup> )	用数码相机照相,然后用 CAD 软件测定其叶面积
X11	鲜比叶重	用直径 1.0 cm 的打孔器,取 60 个小圆片,记录鲜重
X12	干比叶重	用直径 1.0 cm 的打孔器,取 60 个小圆片,记录鲜重,烘干后记录干重
X13	单位面积含水量 (g/m <sup>2</sup> )	用直径 1.0 cm 的打孔器,取 60 个小圆片,记录鲜重和干重,计算含水量
X14	皮孔数 (No./cm <sup>2</sup> )	取树干中部长 5 cm,宽 1 cm 的长方形条块 5 个,记录 5 个条块内的皮孔数
X15	1 m 处直径 (mm)	距地面 1 m 处,测量树干的直径

### 1.3 数据的处理及分析

应用 Excel 计算 15 个性状试验数据的平均值、

标准差、变异系数、指标权重和多样性指数,利用 SPSS 16.0 软件进行方差、主成分和聚类分析,主成

分分析采用均值化数据,建立协方差矩阵,进而计算出特征根和累积贡献率。聚类分析采用欧氏距离结合离差平方和的方法。数据在进行分析之前先进行10级分类,1级 $< X - 2\delta$ ,10级 $\geq X + 2\delta$ ,中间每级相差 $0.5\delta$ , $\delta$ 为标准差。

**1.3.1 遗传多样性指数及其  $t$  检验** 遗传多样性指数的计算采用 Shannon Weaver 信息指数<sup>[18]</sup>,即: $H' = -\sum P_i \ln P_i$ 。其中, $H'$ 表示某一性状的遗传多样性指数; $P_i$ 表示某一性状第*i*个代码出现的概率。

为了检验初选核心种质对全部种质变异的代表性,用 $\text{Var}(H')$ 计算多样性指数变异方差<sup>[4]</sup>,公式如下:

$$\text{Var}(H') = [\sum (P_i \ln P_i)^2 - (\sum P_i \ln P_i)^2] / N + (n - 1) / (2N^2)$$

$$t = (H_1' - H_2') / [\text{Var}(H_1') + \text{Var}(H_2')] / 2$$

$$m = [\text{Var}(H_1') + \text{Var}(H_2')]^2 / [\text{Var}(H_1') / N_1 + \text{Var}(H_2') / N_2]$$

其中, $H_1'$ 和 $H_2'$ 表示全部种质与初选核心种质某性状的多样性指数; $n$ 表示某一性状的代码数; $N$ 、 $N_1$ 、 $N_2$ 为样本数; $m$ 为自由度; $\text{Var}(H_1')$ 、 $\text{Var}(H_2')$ 为方差, $t$ 为检验 $t$ 值。

**1.3.2 特征值均值符合率检验** 均值符合率计

算<sup>[19]</sup>:均值符合率(%) =  $1 - | \text{核心种质平均值} - \text{总种质平均值} | / \text{总种质平均值} \times 100\%$ 。

#### 1.4 核心种质的初步建立

首先以地理流域为单位进行分组,组内利用比例法取样并根据样品多样性指数做适当调整确定核心种质的取样比例。指数高的组适当增加取样,低的组适当减少取样。各组种质总数差别很大,种质总数超过50份的组,取样不多于16份;种质很少的组,取样不少于10份。各组的取样份数见表2。在生产中或育种中起过重要作用的材料和有突出特点的材料,为必选种质。随后在分组的基础上,计算原始群体各样品间的遗传距离,利用离差平方和法对15个性状的表型数据进行聚类,种质间距离为欧式距离。根据聚类结果找出遗传距离最小的一组,小组中若有必选材料时,就取必选材料;若无必选材料时,随机取1份。若组中包含2个以上的样品,则只随机保留1个进入下一轮聚类,其余样品去除。然后对保留的样品重新计算样品间的遗传距离并进行聚类分析,用同样的方法对群体进行缩减。如此循环,直到剩余样品数达到取样比例规定的规模,就构成了核心种质<sup>[20]</sup>。核心种质建立过程中,各项数据统计均通过Excel进行,而聚类分析则通过SPSS 16.0软件进行。

表2 灰楸5个流域15个性状的遗传多样性指数

Table 2 The index of genetic diversity of 15 morphological traits of *Catalpa fargesii* Bur. in 5 river basin

流域 River basin	渭河流域(I) Weihe river basin	泾河流域(II) Jinghe river basin	汾河流域(III) Fenhe river basin	嘉陵江流域(IV) Jialingjiang river basin	黄河流域(V) Huanghe river basin
总种质份数 Total collections No.	69	51	28	95	24
核心种质份数 Core collections No.	15	12	10	16	10
平均遗传多样性 $H'$ The average of genetic diversity	2.016	1.953	1.903	2.018	1.863
X1	2.010	2.052	1.725	2.046	1.990
X2	2.024	2.092	1.856	2.007	1.930
X3	2.050	1.548	1.834	2.077	1.911
X4	2.064	1.997	1.924	2.053	1.947
X5	2.053	1.970	2.048	2.000	1.966
X6	2.056	1.939	2.016	2.092	1.944
X7	1.985	2.032	2.066	2.058	1.864
X8	2.031	1.920	1.956	2.045	1.889
X9	1.945	1.894	1.957	2.016	1.830
X10	2.021	2.039	1.912	2.018	1.657
X11	2.068	2.003	1.890	1.944	1.711
X12	1.985	2.030	2.026	2.058	1.816
X13	2.063	1.925	1.885	1.965	1.896
X14	1.858	1.819	1.647	1.871	1.698
X15	2.020	2.029	1.797	2.018	1.896

X1~X15 分别代表苗高、地茎、节间距、叶总数、叶长、叶宽、叶柄长、叶绿素、叶绿素荧光、叶面积、鲜比叶重、干比叶重、单位面积含水量、皮孔个数及1m处直径

X1-X15 represent the plant height, collar diameter, internode length, leaf number, leaf length, leaf width, stipe length, Fv/m, leaf area, specific leaf fresh weight, specific leaf dry weight, water content per unit area, lenticel number, diameter in 1 m

## 1.5 核心种质的评价方法

计算核心种质遗传多样性指数(index of genetic diversity,  $H'$ )、变异系数(coefficient of variation, CV)、均值(mean)、指标权重等指标,其中多样性指数用  $t$  值进行检验,变异系数、均值和指标权重计算其符合度,用这些指标对所选核心种质进行总体评价。

## 2 结果与分析

### 2.1 灰楸及其流域间种质资源的形态多样性评价

灰楸种质资源的生长指标和生理生化指标 15 个性状差异都极显著,灰楸种质资源存在丰富的表型多样性(平均遗传多样性  $H' = 1.904$ ),遗传多样性指数最高为 2.0917(节间距),最低为 1.9342(叶总数)。

不同流域灰楸各性状的遗传多样性指数见表 2。灰楸各流域的平均遗传多样性指数介于 1.863 ~ 2.018 之间,遗传多样性指数最高的是嘉陵江流域( $H' = 2.018$ ),其次是渭河流域、泾河流域、汾河流域,黄河流域最低。总体来说,嘉陵江流域灰楸各个性状的遗传多样性指数高于其他地区,这可能与灰楸的地理起源有关。甘肃是灰楸的主要分布区,因此甘肃嘉陵江流域可能是灰楸的遗传多样性中心;也可能是因为各流域内取样数量较少而使得平均遗传多样性较低。黄河流域遗传多样性最低( $H' = 1.863$ ),可能是因为黄河流域是

灰楸自然分布的边缘区,因此多样性较低。在林木育种时,优先考虑的是性状 X1(苗高)、X2(地径),由表 2 可知这 2 个性状遗传多样性最大的是泾河流域,泾河流域是灰楸种质资源的主要分布区,因此在灰楸种质资源的收集、保护、利用方面应给予充分重视。

### 2.2 灰楸的主成分分析

对 267 份灰楸种质资源进行主成分分析(表 3),期望从中发现相关的育种规律。结果显示前 7 个主成分的累计贡献率达 85.7%,说明这 7 个主成分包含了所有性状的大部分信息,因此可以用来对灰楸材料进行综合评价。可以看出第 1 主成分贡献率为 32.435%,贡献最大的是 1 m 处直径和地茎,其他依次是叶长、苗高、叶宽、叶面积、叶柄长、叶绿素、比叶重、第 1 主成分值高的种质,1 m 处直径和地茎较大;第 2 主成分的特征向量中,鲜干比叶重、单位面积含水量、节间距和叶面积对主成分值的贡献都较大,说明第 2 主成分值高的种质比叶重较大,单位面积含水量较高,节间距和叶面积较小。第 3 主成分叶总数和苗高贡献最大。第 4 主成分中节间距和叶绿素荧光贡献最大,第 4 主成分值高的种质,节间距较大,叶绿素荧光值较大;第 5 主成分皮孔数对主成分值的贡献比较大;第 6 主成分叶绿素对主成分值的贡献比较大;第 7 主成分叶绿素荧光的系数为负值,且绝对值较大;

表 3 灰楸种质资源的主成分分析

Table 3 The principal component analysis of *Catalpa fargesii* Bur. germplasm resources

项目 Item	主成分 Component						
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7
特征根值 Eigen value	4.865	2.596	1.719	1.247	0.898	0.833	0.697
累计贡献率(%) Cumulative proportion	32.435	49.744	61.205	69.517	75.506	81.062	85.710
苗高(cm) Height	<u>0.642</u>	-0.187	<u>0.607</u>	0.159	0.097	-0.042	0.218
地径(mm) Collar diameter	<u>0.804</u>	0.053	0.133	-0.017	0.081	-0.269	-0.071
节间距(cm) Internode length	-0.045	<u>-0.530</u>	-0.011	<u>0.591</u>	0.303	0.091	<u>0.483</u>
叶总数 Leaf number	0.477	0.302	<u>0.664</u>	-0.247	0.038	-0.200	0.077
叶长(cm) Leaf length	<u>0.696</u>	-0.396	-0.366	-0.070	0.034	-0.108	-0.115
叶宽(cm) Leaf width	<u>0.632</u>	-0.461	-0.120	-0.291	0.145	-0.153	-0.001
叶柄长(cm) Stipe length	<u>0.582</u>	-0.364	-0.165	-0.279	-0.137	0.442	0.099
叶绿素 Chlorophyll	<u>0.576</u>	0.242	0.193	-0.184	-0.148	<u>0.607</u>	0.106
叶绿素荧光 Fv/m	0.311	-0.206	0.370	<u>0.514</u>	0.121	0.246	<u>-0.591</u>
叶面积(cm <sup>2</sup> ) Leaf area	<u>0.603</u>	<u>-0.511</u>	-0.486	-0.035	0.113	-0.044	-0.087
鲜比叶重(g/m <sup>2</sup> ) Specific leaf fresh weight	<u>0.564</u>	<u>0.710</u>	-0.322	0.222	0.113	0.015	0.041
干比叶重(g/m <sup>2</sup> ) Specific leaf dry weight	<u>0.508</u>	<u>0.633</u>	-0.260	0.010	-0.049	-0.067	0.092
单位面积含水量(g/m <sup>2</sup> ) Water content per unit area	0.489	<u>0.620</u>	-0.299	0.318	0.198	0.065	0
皮孔(No./cm <sup>2</sup> ) Lenticel number	-0.296	0.167	0.075	-0.440	<u>0.795</u>	0.158	-0.061
1m处直径(mm) Diameter in 1m	<u>0.812</u>	-0.067	0.199	0.003	-0.109	-0.124	0.015

带下划线的数据为该主成分内绝对值较大者

Datas with underlines represent greater absolute value in the principal component

当第 7 主成分值大时,必有叶绿素荧光变小的趋势;在育种中应选择第 7 主成分值小的种质。按照林木育种要求,第 1、3、4 主成分偏高为好。

### 2.3 核心种质分析

**2.3.1 核心种质遗传多样性指数的  $t$  检验** 初步构建的核心种质与总种质各性状的多样性指数比较(表 4),由表可知,核心种质与总种质 15 个性状的多样性指数经过  $t$  测验均未达到显著水平,说明初选核心种质能代表总种质的遗传多样性。

**2.3.2 核心种质与总种质的变异系数、均值和指标权重检验** 通过核心种质与全部种质 15 个性状平均值、变异系数和指标权重的符合程度检测(表 5),发现除比叶重外,其他性状变异系数的符合率达 85%,15 个性状里有 7 个符合率均在 90% 以上,最高符合率为 95.8%。各性状平均值的符合率均达到了 97.5% 以上。各性状指标权重的符合率达 85% 以上,最高达 99.9%。表明总种质材料中各性状的变异在核心种质中均存在。因此本研究建立的核心种质是有效的,能较好地代表总体种质。

表 5 核心种质和总种质不同性状的符合率比较

Table 5 Comparison of accord with of different traits between core collection and total collection

编号 Code	性状 Traits	变异系数 Coefficient of variation			均值 Mean			指标权重 Factor weight		
		核心种质 Core collections	总种质 Total collections	符合率(%) Accord rate	核心种质 Core collections	总种质 Total collections	符合率(%) Accord rate	核心种质 Core collections	总种质 Total collections	符合率(%) Accord rate
X1	苗高(cm)	10.723	9.994	92.7	168.778	167.980	99.5	0.046	0.047	97.5
X2	地径(mm)	16.758	15.092	88.9	17.061	16.830	98.6	0.072	0.071	99.1
X3	节间距(cm)	17.089	16.031	93.4	65.317	66.830	97.7	0.073	0.075	96.9
X4	叶总数	15.022	15.673	95.8	28.809	28.700	99.6	0.064	0.074	87.1
X5	叶长(cm)	11.289	10.477	92.2	20.705	20.620	99.6	0.048	0.049	97.9
X6	叶宽(cm)	12.673	11.295	87.8	20.044	20.230	99.1	0.054	0.053	98.0
X7	叶柄长(cm)	15.179	16.224	93.6	19.456	19.590	99.3	0.065	0.076	85.0
X8	叶绿素	8.528	7.609	87.9	43.996	43.680	99.3	0.036	0.036	98.1
X9	叶绿素荧光	1.253	1.142	90.3	0.850	0.850	99.9	0.005	0.005	99.7
X10	叶面积(cm <sup>2</sup> )	24.572	21.609	86.3	245.405	241.380	98.3	0.105	0.102	96.7
X11	鲜比叶重	11.301	9.058	75.2	234.125	229.170	97.8	0.048	0.043	86.6
X12	干比叶重	16.846	13.435	74.6	74.291	72.810	98.0	0.072	0.063	86.1
X13	单位面积含水量(g/m <sup>2</sup> )	10.402	9.043	85.0	159.834	156.360	97.8	0.044	0.043	95.5
X14	皮孔数(No./cm <sup>2</sup> )	46.701	41.721	88.1	26.750	26.110	97.6	0.200	0.196	98.3
X15	1 m 处直径(mm)	15.469	14.072	90.1	12.894	13.020	99.0	0.066	0.066	99.9

表 4 核心种质和总种质遗传多样性指数的比较

Table 4 Comparison of genetic index and accord with of factor weight between core collection and total collection

编号 Code	性状 Trait	核心种质 Core collections	总种质 Total collections	$t$ 值 $t$ Value
X1	苗高(cm)	1.709	2.036	0.935
X2	地径(mm)	1.799	2.066	0.656
X3	节间距(cm)	1.681	1.934	0.725
X4	叶总数	1.715	2.092	1.075
X5	叶长(cm)	1.694	2.062	1.012
X6	叶宽(cm)	1.653	2.059	1.256
X7	叶柄长(cm)	1.788	2.074	0.725
X8	叶绿素	1.792	2.038	0.614
X9	叶绿素荧光	1.722	2.025	0.831
X10	叶面积(cm <sup>2</sup> )	1.740	2.079	0.929
X11	鲜比叶重	1.757	2.034	0.726
X12	干比叶重	1.726	2.036	0.859
X13	单位面积含水量(g/m <sup>2</sup> )	1.825	2.035	0.511
X14	皮孔数(No./cm <sup>2</sup> )	1.735	2.006	0.763
X15	1 m 处直径(mm)	1.781	2.080	0.750

$$t_{0.05} = 1.96, t_{0.01} = 2.617$$

## 3 讨论

本研究基于灰楸资源的地理来源和 15 个表型性状的鉴定资料,首先以地理流域为单位进行分组,根据比例法结合多样性指数确定各组取样比例,组内采用欧式距离结合离差平方和法进行聚类,然后

根据确定好的取样比例抽取样品,进行适当调整,构成了核心种质。这种采用先分组、后进行系统聚类取样的策略已被许多研究证明是合理有效的<sup>[9,21]</sup>。从 267 份灰楸种质资源中选取 63 份种质资源作为核心种质,比例为 23.6%,基本符合核心种质的规模。

### 3.1 核心种质的代表性、多样性及取样比例

曾在生产上大面积使用的、在育种中起过重要作用的、有独特利用价值的品种应作为必选材料,可使初选核心种质中不会遗漏重要的材料。在初选核心种质构建过程中,聚类后取样时,应在随机的基础上,进行少量人工调整,这样可使初选核心种质尽量包括各性状的各个级别。古灰楸、所院灰楸,灰 07013、灰 07038、1-2、1-3 这几个品种常作为灰楸种内、种间杂交的原始亲本之一,并在我国楸树育种中发挥了重要作用。因此,建议在灰楸种质资源深入研究中,对以上提及品种应更加注意。

构建核心种质时要选择有代表性、异质性、多样性和类型齐全的样本。本研究构建的核心种质中,核心种质与总种质相比,15 个性状的遗传多样性指数分别经  $t$  测验差异不显著;同时,核心种质的均值、变异系数和指标权重符合度达到了 85%,这说明所构建的 63 份核心种质是灰楸资源遗传多样性很高的种群,具有很好的代表性及多样性。而在国内外不同植物核心种质库的构建中总体取样比例一般为该物种总资源的 5%~30%,或总量不超过 3000 份。到目前为止,前人的研究没有提供一个合适的取样比例。崔艳华等<sup>[22]</sup>提出当资源的遗传多样性与资源量成正相关,并且各组材料量相差较大时,应用比例法较有效。本研究按比例法确定的取样比例是 27%,并根据多样性指数进行调整,在没有明显多样性丢失的情况下,总资源多的,则取样比例小一些;总资源少的,取样比例相对多一些。因此最后确定了灰楸初选核心种质的取样比例为 23.6%,建议在以后选取核心种质时采用分子标记辅助育种的手段进行分析,最后灰楸核心种质的比例占全部种质的 10%左右。这样所建立的核心种质包含尽可能多的等位变异,能提高核心种质样本的遗传多样性指数<sup>[19]</sup>。

### 3.2 主成分分析

主成分分析可以将多个实测变量转换为少数几个不相关的综合指标,从而简化分析过程,更好地描述总变异构成特征<sup>[23]</sup>。这些直线结合指标虽不能直接观测到,但它更能反映研究本质。本研究中 267 份材料的 15 个性状的主成分分析结果显示,灰楸主要性状可归纳为 7 个主成分:即 1 m 处直径、干比叶重、叶总数、节间距、皮孔数、叶绿素和叶绿素荧光。这 7 个主成分对总变异的累积贡献率达 85.71%,每个主成分都比较客观地反映了各性状之间的相互关系。依据这些性状可以对种质资源进行早期间接评价选择,为育种工作提供了便利。

目前国内对于灰楸遗传育种方面的研究还处于起步阶段,生理和分子方面的研究比较薄弱,在今后的研究工作中应在形态标记的基础上运用分子标记辅助育种的手段,从基因水平上应该对这套种质资源进行全面的鉴定、评价,逐步对其完善,对灰楸种质资源进行充分发掘和有效利用。同时在构建核心种质时如何取样、如何分组、采用何种聚类方法都值得进行深入研究。

### 参考文献

- [1] Frankel O H. Genetic perspectives of germplasm conservation [M]//Genetic manipulation: impact on man and society. UK: Cambridge University Press, 1984
- [2] 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
- [3] 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
- [4] 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
- [5] 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
- [6] Hu J, Zhu J, Xu H M, et al. Methods of constructing core collections by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic rabies of crops[J]. Theor Appl Genet, 2000, 101(1):264-268
- [7] 崔艳华,邱丽娟,常汝镇,等.利用 SSR 分子标记检测黄淮夏大豆初选核心样本的代表性[J].植物遗传资源学报,2003,4(1):9-15
- [8] 李银霞,安丽君,姜全,等.桃(*Prunus persica* (L.) Batsch.) 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
- [9] 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
- [10] 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,2008,24(5):265-271
- [11] 魏志刚,高玉池,刘桂丰,等.白桦核心种质初步构建[J].林业科学,2009,45(10):74-80
- [12] 高志红,章镇,韩振海,等.中国果梅核心种质的构建与检测[J].中图农业科学,2005,38(2):363-368
- [13] 刘玉皎,侯万伟.青海蚕豆种质资源 AFLP 多样性分析和核心资源构建[J].甘肃农业大学学报,2011,46(4):62-68
- [14] 李娟,江昌俊,王朝霞,等.中国茶树初选核心种质遗传多样性的 RAPD 分析[J].遗传,2005,27(5):765-771
- [15] 赵进义,赵鲲,焦云德,等.灰楸无性系衍期测定与选择[J].河南林业科技,2009,29(3):11-13
- [16] 向志强,刘玉成,杜道林,等.不同种群海南粗榧(*Cephalotaxus mannii*) 遗传多样性研究[J].广西植物,2002,22(3):209-213
- [17] 邓明文.岷江百合种质资源遗传多样性研究[D].南京:南京林业大学,2008
- [18] Maughan P J, Saghai M A, Buss G R, et al. Microsatellite and amplified sequence length polymorphisms in cultivated and wild soybean[J]. Genome, 1999, 38: 715-723
- [19] 杨菁,迟德钊,刘玉皎,等.基于形态性状的青海蚕豆核心种质的初步构建[J].分子植物育种,2009,7(3):599-606
- [20] 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,2007,6:1001-4942
- [21] 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
- [22] 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
- [23] 王文博,陈秀芝.多指标综合评价中主成分分析和主因子分析方法的比较[J].统计与信息论坛,2006,21(5):19-21