

园艺作物核心种质构建的研究进展

缪黎明¹, 王神云², 邹明华¹, 李建斌², 孔李俊¹, 余小林¹

(¹ 浙江大学农学院园艺系/农业部园艺植物生长发育与品质调控重点开放实验室/浙江省园艺植物整合生物学研究与应用重点实验室, 杭州 310058; ² 江苏省农业科学院蔬菜研究所, 南京 210014)

摘要: 构建核心种质是植物遗传资源的研究热点和重点之一, 对种质资源的鉴定、保存、利用与交流具有重要意义。本文简要介绍了植物遗传资源核心种质的概念及其构建方法, 综述了园艺作物核心种质构建的研究新进展, 并对今后该领域的研究趋势进行了展望。提出了种质分组及取样策略是园艺作物核心种质构建方法研究的重点; 应及时构建一批大宗园艺作物以及我国原产和特产园艺作物的核心种质; 高度重视基于重测序技术快速、精准、高通量地挖掘园艺作物核心种质优异基因的研究以及要加强科研管理与协作, 切实提高我国园艺作物核心种质研究成果的共享性等观点, 为园艺作物种质资源的深入研究与高效利用提供理论依据和技术参考。

关键词: 园艺作物; 种质资源; 核心种质; 遗传多样性

Review of the Studies on Core Collection for Horticultural Crops

MIAO Li-ming¹, WANG Shen-yun², ZOU Ming-hua¹, LI Jian-bin², KONG Li-jun¹, YU Xiao-lin¹

(¹ Department of Horticulture, College of Agriculture and Biotechnology, Zhejiang University/Laboratory of Horticultural Plant Growth & Quality Regulation, Ministry of Agriculture/Zhejiang Provincial Key Laboratory of Horticultural Plant Integrative Biology, Hangzhou 310058;

² Institute of Vegetable Science, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014)

Abstract: Core collection always plays an important role and one of the highlight in the study of plant germplasm resources, which shows an important significance for the evaluation, conservation, utilization and exchange of plant germplasm resources. In this paper, the concept of the core collection of plant genetic resource, procedures of its construction, and the new research progress of the core collection construction in horticultural crops have briefly been summarized. Subsequently, some perspectives have been proposed in this research field in the near future. Four novel opinions have been presented, (1) grouping of germplasm and sampling strategy are always the most important steps in the core collection of horticultural crops; (2) core collection of horticultural crops, with a large produce and originated from China, need to be carried out as soon as possible; (3) we should pay high attention to the study on gene discovery and utilization with the rapid, precise and high-throughput pattern based on re-sequencing technology; (4) we need to enhance the research management and cooperation to increase the sharing of the existing core collection in horticultural crops around the whole country. This paper provides the theoretical and technological reference for further study and application of horticultural crops core collection.

Key words: horticultural crops; germplasm resources; core collection; genetic diversity

收稿日期: 2015-10-12 修回日期: 2015-12-26 网络出版日期: 2016-08-12

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20160812.1316.028.html>

基金项目: 农业部“948”项目(2014-Z28); 国家自然科学基金(31460521); 宁波市科技计划项目(2015C110008); 国家大宗蔬菜产业技术体系(CARS-25); 国家科技支撑计划(2012BAD02B01)

第一作者研究方向为园艺作物遗传育种。E-mail: 21316052@zju.edu.cn

通信作者: 余小林, 研究方向为园艺作物遗传育种。E-mail: xlyu@zju.edu.cn

长期的生产实践表明,优异种质资源的发现与利用是农作物育种工作能够取得突破性进展的关键,譬如袁隆平团队 1970 年 11 月在海南三亚发现的“野败”为杂交水稻事业打开了突破口,成为杂交水稻研究和应用的重要转折。因此,世界各国高度重视生物多样性的保护,积极抢救濒危遗传资源,从中发掘优异的种质资源,从而大大加快栽培植物新品种的培育和遗传改良的进程。目前,约 610 万份种质资源(含部分重复)分别保存在世界各地的 1300 多座种质库之中。据统计,各国及地区贮存种质资源排名前 6 位的是:美国 41 万份,俄罗斯 37 万份,中国 36 万份,欧共体 30 万份,日本 19.8 万份以及印度 16.5 万份^[1]。随着搜集获得的种质资源数量的不断增加,如何对数量庞大的种质资源开展保存、鉴定评价与更新,如何从变异丰富的种质中快速、精确、高通量地发现优异新基因,如何高效地利用现有种质资源,如何开展种质创新并实现可持续性发展,这些都是种质资源管理者和育种家共同面临且亟待解决的现实问题。迄今为止,国内外研究人员已经构建了 100 多种农作物及其经济作物的核心种质,为植物种质资源的深入研究与有效利用奠定了基础^[2-6]。但至今有关园艺作物核心种质构建的综述报道不多^[3-5]。上述 3 篇文献中 1 篇仅针对果树作物^[3]、另外 1 篇仅针对蔬菜作物^[4],而仅有 1 篇针对全部园艺作物的文献^[5]也因发表时间相对较早不能完全反映该领域最新的研究进展。据初步统计,从 2008 年开始至今已经增加了 30 多种园艺作物核心种质构建的文献,且所使用的试验方法也与以前有明显的不同。因此,亟需将该领域的最新研究进展进行总结和梳理,以期今后园艺作物核心种质的深入研究与高效利用提供理论参考和技术支持。基于此,本文简要介绍了植物遗传资源核心种质的概念及其构建方法,对园艺作物核心种质构建最新的研究进展进行了综述,分析了该领域现存的问题及对今后的研究趋势进行了展望。值得一提的是,通常狭义的园艺作物主要包括果树、蔬菜和观赏植物,从广义上讲还包括茶、药用植物和芳香植物,但由于目前在药用植物和芳香植物中几乎没有核心种质研究的相关报道,故本文中的园艺作物指的是果树、蔬菜、观赏植物和茶。

1 核心种质概念及其构建方法

为了解决庞大的数量给种质资源的搜集、保存、评价鉴定和利用带来的极大困难,澳大利亚科学家

O. H. Frankel^[7]首次提出了核心种质(core collection)的概念,随后,O. H. Frankel 等^[8]、A. H. D. Brown 等^[9-10]对其做了进一步发展和完善。核心种质,又称为核心样品,是指用最少的种质资源样品最大程度地代表种质资源的遗传多样性^[8]。支持这一概念的理论基础是中性突变理论和遗传多样性的分层结构模型^[11]。近年来,随着研究手段的不断提高,核心种质概念的外延也有所扩展,现已延伸到无性繁殖作物、DNA 种质库及种质资源的 *in situ* 保存研究等领域^[12]。

综合考虑植物种质资源的实用性,构建核心种质的主要目的就在于有效地解决基因库中种质资源庞大数量与有效保存之间的矛盾,提高基因库中优异种质的利用率,促进种质资源的交流及优异基因的挖掘,实现农作物的种质创新与遗传改良,最终服务于我国国民经济和社会发展。同时,根据种质资源的有效性和动态性,李自超等^[11]又提出作物核心种质可以分为 4 个级别动态的层次结构:保留种质、初级核心种质、核心种质和核心应用种质,且各层次结构之间保持种质资源的动态性,从而保证作物的遗传多样性及其基因资源的高效利用,其中,初级核心种质旨在保证为今后研究和利用提供丰富的遗传变异类型,能代表整个种质资源 95% 以上的多样性。

由于长期的驯化栽培和定向选择与培育,很多物种特别是关系人类生存与发展的重要农作物,如水稻、小麦、玉米、大豆等,其种质材料在世界各地基因库中所保存的规模十分庞大。上述物种即使按照传统的方法构建出核心种质,其规模依然很大,给核心种质的保存、更新、交流和利用带来很大的不便^[13]。例如,将保存在国际水稻研究所中的水稻种质资源按照 10% 的取样比例构建核心种质,其核心样品数仍然超过 8000 份,其规模甚至比很多物种种质资源的原始群体还大^[14]。因此,有学者提出微型核心种质(mini core subset)的概念,即将核心种质的规模进一步压缩,仅用 1% 的样品数代表整个种质资源群体的遗传多样性^[14]。目前,已经构建了水稻、大豆、玉米、花生等主要农作物的微型核心种质。

T. Hodgkin^[15]提出建立核心种质基本包括 4 个步骤:数据采集整理、数据分组、样品选择和核心种质有效性检验与管理。针对核心种质应具备的特征,研究人员在核心种质的构建程序、数据采集、数据分析方法、种质分组、取样比例和策略以及核心种质的有

效性验证等方面进行了系统深入的研究^[12,16]。

(1)数据采集整理。对种质资源数据进行收集、分析和整理是构建农作物核心种质的第一步,而完整的种质数据应包含基本情况数据、形态及农艺性状数据、品质鉴定数据、抗病虫及抗逆性鉴定数据等^[11,17]。在数据采集时,应严格按照作物种质资源描述规范和数据标准的要求进行,以便不同研究组之间结果可以交流与使用。因为易于观察和获取,在实际工作中,植物形态学与农艺性状数据是传统研究方法中的主要数据,应选取必要且具有代表性的性状进行调查,并进行相应的描述及赋值^[17]。此外,由于植物形态学性状易受季节和环境因素的影响而导致部分数据失真,而分子标记能够直接反映出种质资源之间 DNA 序列水平的变化,不受季节和环境的影响,且具有数量多、多态性高和多为共显性等特点。因此,在尽可能多地采集表型数据的同时,配合进行分子标记数据的分析,能够更准确地揭示种质资源之间的遗传亲缘关系。

(2)数据分组。根据采集获得的表型和分子标记数据,将具有相似特点的种质资源进行归类分组,譬如可以依据分类学、地理起源、生态分布、遗传标记和农艺性状等数据来进行分组^[11]。目前,在核心种质构建中,应用分类学方法计算遗传距离最为常用的是马氏距离和欧氏距离。欧氏距离在计算过程中没有考虑性状间的相关性,易受各性状量纲单位不一致的影响,而马氏距离则不受量纲的影响^[18]。刘遵春等^[19]在构建新疆野苹果核心种质时,为排除株系不同性状量纲对构建结果的影响,先对所测数据采用 0.5 个标准差间距进行标准化,再利用欧氏距离和最短距离法进行逐步聚类,结合优先取样法取得了满意的结果。除上述两种常用的遗传距离以外,还有 Nei 氏遗传距离、欧氏距离平方、Jaccard 系数、Rogers 遗传距离等方法,但在实际工作中应用较少。同时,分类学常用的聚类方法有最短距离法、最长距离法、中间距离法、重心法、类平均法、加权配对算术平均法、非加权组平均法、可变量法和离差平方和法等系统聚类方法^[20]。不同的聚类方法在不同的作物核心种质构建中均有成功的报道^[13],但最为常用的是非加权组平均法(UPGMA),其次为类平均法。

(3)样品选择。样品选择可分为取样策略和取样比例两方面内容。应用不同的取样策略所构建出的核心种质的遗传结构不尽相同,因此,取样策略的选择一直是核心种质的研究重点和难点。目前常用

的组内取样方法有 3 种:多次聚类随机取样法、多次聚类优先取样法和多次聚类偏离度取样法^[18,21-22]。刘娟等^[23]利用 ISSR 分子标记构建新疆野杏核心种质的结果表明,多次聚类优先取样策略构建的核心种质比对照随机取样策略的更具有代表性。就取样比例而言,A. H. D. Brown 等^[9]提出在原始群体样品数不少于 3000 时,以 10% 的取样比例就可以代表原始群体中 70% 的遗传多样性。一般情况下核心种质样品所占整个种质资源的比例为 5% ~ 10%^[9],农作物因原始群体数量较大而多为 5% ~ 15%^[24]。当取样比例 $\geq 50\%$ 时,就会因样本量过大而不符合核心种质的要求。在构建作物核心种质过程中,研究者往往会根据原始群体的大小而调整取样比例。另外,就必选材料而言,具有优异性状的特殊种质,以及在生产上起过较大作用和有突出特点的骨干亲本或品种(系)应直接选入核心种质库^[17]。同时,每一个性状的极值材料、组内材料数极少的种质和质量性状某级上份数极少的材料也应从保留种质中人工入选核心种质,以免造成优异种质或基因的丢失。

(4)核心种质有效性检验与管理。核心种质的评价即对核心种质有效性的检验。根据中性理论,A. H. D. Brown^[10]提出核心种质应能代表全部种质 70% 以上的性状特征和遗传变异。检验核心种质有效性应从以下两个方面考虑:一是要检验核心种质对整个种质资源的遗传多样性的代表性;另一个方面是要对其在生产上的实用性进行评价^[12]。一般通过 Nei's 多样性指数(H)、Shannon and Weaver's 信息指数(I)和 Brillouin's 指数等来检验离散性指标多样性;常用方差、标准差、变幅和平均数等对连续性指标多样性进行检验^[25-26]。均值差异百分率愈小,方差差异百分率、极差符合率和变异系数变化率愈大,则说明核心种质的代表性愈好^[27]。基于主成分的样品分布图近似地反映了分析群体的遗传结构,目前已经被广泛应用于生物多样性的研究,包括种质资源核心种质的构建及其代表性的评价^[28]。因此,核心种质应拥有尽可能少的遗传冗余,以及保留初始群体中性状间固有的遗传关联。目前,已有多个利用主成分分析和相关分析法分别比较核心种质与初始群体间的种质分布特征和性状间相关性的研究报道^[19,29-30]。

同时,在构建出一套核心种质以后,要尽快建立起完善的繁种、供种及交流等管理体制,以保证核心种质的分发共享和有效利用^[11]。

2 园艺作物核心种质的研究进展

2.1 园艺作物核心(或初级核心)种质的构建

迄今为止虽然在作物上核心种质的构建取得了较好的研究进展,但园艺作物与农作物有着明显不同的研究重点,它不仅注重产量和食用品质,还要考虑其熟性与上市期、货架期,以及观赏价值、观赏时期等观赏品质等方面^[5]。因此,在园艺作物核心种质构建过程中,还需要收集如产品成熟期、果形、果色、香味等,以及花期、花色、花型、年开花次数、花香、花朵大小与多少、叶色、抗病性、耐热及低温能力等方面的基本数据^[5]。由于数据收集的复杂性及多样性在客观上导致了园艺作物在核心种质的研究上明显落后于农作物。然而,近十年来,随着核心种质构建方法研究的不断深入以及分子标记技术的广泛应用,园艺作物核心种质相关研究取得了很大的进展^[4-5]。据不完全统计,迄今为止已有苹果、梨、李、桃、草莓等 20 种果树植物;黄瓜、大白菜、辣椒、萝卜、豆类等 25 种蔬菜植物;以及梅花、郁金香、菊花、腊梅、桂花等 11 种观赏植物完成了其核心(或初级核心)种质的构建(表 1)^[31-85]。由表 1 的统计数据可知,由于保存的种质规模远不及农作物,园艺作物构建核心种质的取样比例较大,为 10%~30%。其中,20 种果树作物的平均取样比例为 16.6%;25 种蔬菜作物的平均取样比例为 14.6%;12 种观赏植物的平均取样比例为 25.3%;茶的平均取样比例为 22.5%。进一步分析表 1 的统计数据结果显示,园艺作物种质资源的原始群体越大,取样的比例则相对要小;一二年生草本植物的取样比例要显著小于多年生木本植物。由于 12 种观赏植物中绝大部分为木本植物,因此,其平均取样比例明显高于果树和蔬菜作物的,但与同为木本植物的茶树大体一致。

2.2 园艺作物核心(或初级核心)种质的构建方法

众所周知,核心种质构建的实质就是去同留异的过程,面对数量众多、性状杂乱的原始种质,采用不同的聚类方法以及抽样比例所获得核心种质的可靠性与实用性也各不相同。由此,本研究对上述已完成核心种质构建的 57 种园艺作物的采集数据方法、聚类方法和组内取样方法进行了统计(图 1),结果表明,就数据采集而言,绝大多数的园艺作物都是采用形态学的数据进行样品分组,少部分采用形态学的数据结合分子标记的结果,以及部分仅采用分

子标记的数据进行样品分组。其中,具有操作简便,成本低廉特点的 SSR 分子标记应用最为广泛,其次为 AFLP 和 RAPD。随着二代测序技术的迅猛发展,基于全基因组学 SNP 技术取得了长足的进步,应用将越来越广泛。此外,就聚类方法而言,其应用频率的顺序为:非加权组平均法(UPGMA) > 离差平均和法 > 类平均法 > 最短距离法 > 最大距离法。在组内取样的方法中,聚类取样法应用最广,其次为随机取样法,再次为优先取样法。

此外,对上述 57 种园艺作物核心种质构建所采用的遗传距离和组内取样比例的统计结果显示(图 2),欧式距离应用最广,其次为 Nei's 遗传距离,再次为马氏距离。组内取样比例的应用频率为:多样性比例法 > 极大化取样策略 > 平方根比例法 > 简单比例法 > 恒量法 > 对数比例法。上述统计结果为今后园艺作物核心种质构建方法及其方法组合的选择提供了理论依据和技术参考。

2.3 园艺作物核心种质的重测序

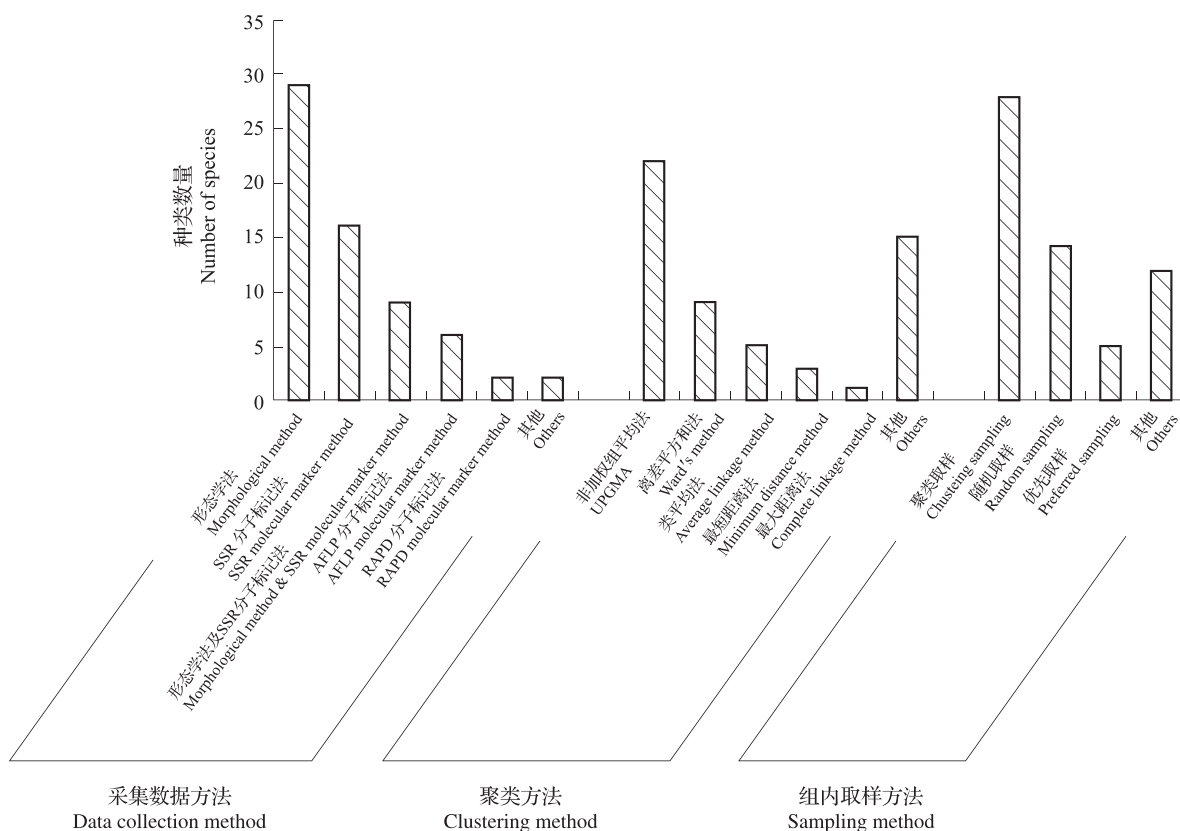
随着以 Solexa/454/SOLiD 等为代表的二代测序技术的日臻成熟和大量应用,目前国内外研究机构已经或正在对 20 多种园艺作物进行全基因组测序^[86-87],同时对部分核心种质进行了重测序,以期深入挖掘优异基因或重要分子标记供育种使用。T. Lin 等^[88]对全球 360 份番茄核心种质进行了重测序,构建了高密度的番茄全基因组遗传变异图谱,从中发现 2 个相互独立的 QTL 位点(*fu2.2* 和 *lcn2.1*)发生进化是现代番茄栽培品种的重量比野生番茄高 100 倍的主要原因。另外,该研究还发现了 *SLMYB12* 基因启动子 603 bp 的区域是决定番茄粉果果皮颜色的关键变异位点。S. Kim 等^[89]对红辣椒的一个墨西哥地方品种(*Capsicum annuum* cv. CM334)和两个栽培品种进行了全基因组测序,另外还对一个野生品种(*C. chinense*)进行了组装测序。上述数据对于研究辣椒栽培品种在基因组序列上的进化有重要的意义。

李斯更等^[90]利用黄瓜基因组重测序结果设计了 134 对 InDel 引物并在 16 份黄瓜核心种质中检测其有效性,其中有 116 对引物具有多态性,上述标记为鉴定与评价黄瓜种质资源及其遗传育种研究提供了科学参考。刘书林等^[91]利用 100 份核心种质重测序结果与黄瓜全基因组序列信息,对黄瓜黑色果刺性状的初定位区域进行了标记加密;王敏等^[92]也利用 115 份核心种质重测序结果对黄瓜成熟网纹性状的初定位区域进行了标记加密。范建光等^[93]

表 1 部分园艺植物核心种质(或初级核心)的构建

Table 1 Core collection(or primary core collection) construction of partial horticultural plants

植物种类		原始群体数	核心种质数	取样比例(%)	参考文献
Species of plant		No. of original samples	No. of core collection	Ratio of sample	Reference
果树	草莓	1056	108	10.2	[31]
	果梅	197	20	10.1	[32]
	柚	110	25	22.7	[33]
	桃	558	45	8.0	[34]
	石榴	135	41	30.4	[35]
	日本柿	117	24	20.5	[36]
	枣	170	39	22.9	[37]
	苹果	435	64	14.7	[38]
	新疆野苹果	300	60	20.0	[19]
	山葡萄	360	79	21.9	[39]
	中国李	405	97	24.0	[40]
	砂梨	486	97	20.0	[41]
	杏	1501	150	10.0	[42]
	荔枝	96	22	22.9	[43]
	橄榄	361	36	10.0	[44]
	新疆野核桃	4457	51	1.1	[45]
	无花果	229	30	13.1	[46]
	滇刺枣	330	52	15.8	[47]
	新疆野杏	135	31	23.0	[23]
	桃棕	371	40	10.8	[48]
蔬菜	秋葵	2283	189	8.3	[49]
	豌豆	1243	146	12.0	[50]
	赤豆	3908	231	5.9	[51]
	扁豆	249	47	18.9	[52]
	黄瓜	1352	147	10.9	[53]
	大豆	23587	2170	9.2	[54]
	胡萝卜	340	68	20.0	[55]
	莴苣	1283	128	9.9	[56]
	菜豆	4029	400	10.0	[57]
	辣椒	1202	137	11.4	[58]
	芋	276	31	11.2	[59]
	蚕豆	1075	192	17.9	[60]
	萝卜	1281	192	15.0	[61]
	山药	3017	371	12.3	[62]
	绿豆	5072	719	14.2	[63]
	大白菜	1651	248	15.0	[64]
	韭菜	174	69	40.0	[65]
	大蒜	130	17	13.0	[66]
	葱	114	16	14.0	[67]
	Andigena 马铃薯	740	78	10.5	[68]
	新疆甜瓜	121	25	20.7	[69]
	饭豆	1427	157	11.0	[70]
观赏植物	香菇	89	21	23.6	[71]
	甜瓜	612	119	19.4	[72]
	加工番茄	3026	302	10.0	[73]
	郁金香	1000	104	10.4	[74]
	梅花	178	52	29.2	[75]
	腊梅	456	163	35.7	[76]
	紫薇	513	151	29.4	[77]
	中原牡丹	400	120	30.0	[78]
	桂花	122	38	31.1	[79]
	菊花	800	106	13.3	[80]
	银杏	205	52	25.4	[81]
	芍药	150	39	26.0	[82]
	花莲	395	88	22.3	[83]
茶	狗牙根	831	208	25.0	[30]
	中国茶树	615	126	20.5	[84]
	世界茶树	788	192	24.4	[85]



在相关文献中未提及或构建核心种质中不常见的一些方法统计为其他。下同

The others mean the methods do not refer to clearly or unusual methods have been used. The same as below

图 1 57 种园艺作物核心种质构建方法、聚类方法和组内取样方法的统计结果
Fig. 1 Statistical results of core collection construction, cluster and sampling within group methods for fifty seven horticultural plants

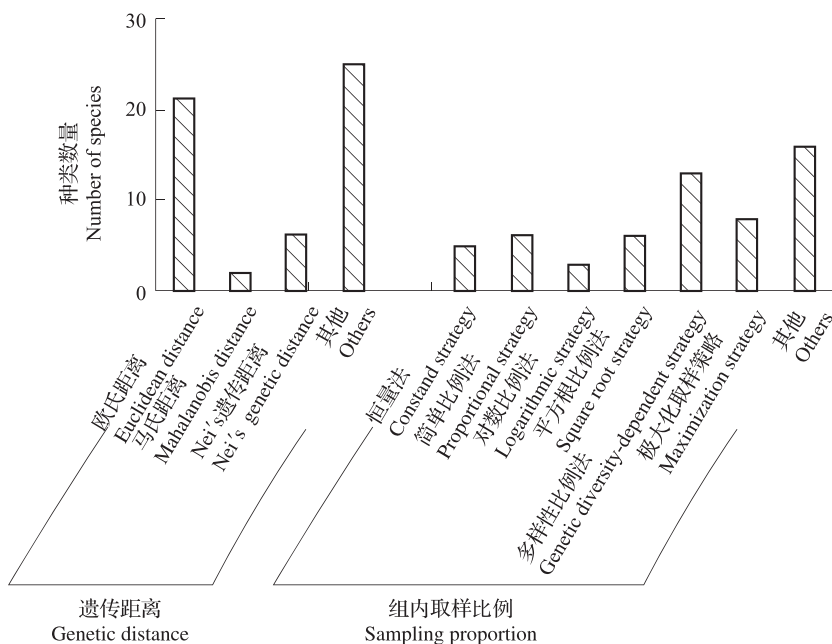


图 2 57 种园艺作物核心种质构建所采用的遗传距离和组内取样比例的统计结果

Fig. 2 Statistical results of core collection construction methods for fifty seven horticultural plants

对 17 份西瓜重测序材料进行了多样性分析。S. Guo 等^[94]对一个亚洲栽培品种‘97103’进行了全基因组测序的同时对代表 3 个不同亚种的 20 份西瓜核心种质进行了重测序,结果发现许多抗病基因在驯化过程发生了丢失。

自 2011 年大白菜‘Chiifu-401-42’品种测序完成后,很多研究者利用其他亚种或变种的重测序数据开展比较基因组研究。孟霖等^[95]将白菜型油菜‘R-O-18’和菜薹‘L58’的重测序结果与白菜‘Chiifu-401-42’的基因组序列进行了比对,开发了 106 个可以用来检测以‘R-O-18’和‘L58’为亲本构建的 RILs 基因型的 InDel 标记,利用其中 99 个标记构建了 1 张大白菜的遗传连锁图谱。X. Yu 等^[96]利用基因组重测序技术对 150 个重组近交系(RILs)进行 SNP 分型,构建了包含 2209 个标记的高密度遗传图谱,发现遗传标记的重组率高达 20%,检测到 6 个结球性状的 18 个 QTL 和 3 个候选基因。X. M. Song 等^[97]对不结球白菜的 6 个变种进行了重测序工作,分析了不同变种的 SSR 和 SNP 的分布特征和数量差异,为不结球白菜高密度遗传图谱的构建、比较基因组学及其变种间的微进化研究提供了标记线索。

为了探索桃的驯化过程,国际桃基因组团队对 11 个普通桃品种,以及从新疆桃、甘肃桃、山桃和西藏桃中分别挑选 1 个品种进行重测序,序列分析结果发现,桃基因组没有经过最近的基因组加倍化,SNPs 的全基因组系统进化分析表明,新疆桃可能是一种野生桃,代表桃驯化过程中的一个中间态基因组^[98]。

通过对园艺作物基因组的重测序,应用比较基因组学和功能基因组学的技术和方法,在比较栽培品种与野生种基因组差异的基础上,进一步揭示栽培植物的驯化与选育的微进化过程,为有价值遗传资源的鉴定评价及育种应用提供了重要参考。但与此同时,如何对新技术带来的海量数据进行科学分析与有效利用也是今后所要面对的重要挑战之一。

3 园艺作物核心种质的研究展望

(1)种质分组及取样比例与策略是今后园艺作物核心种质构建方法研究的重点。在核心种质的构建过程中最重要的环节是样品选择。在掌握了大量的基本数据、性状评价鉴定数据以及分子标记数据的基础上,如何进行聚类分组,并采用何

种策略进行组内取样便成为核心种质构建成功的关键环节。由于采用不同的数据处理方法所获得的核心种质其遗传构成和多样性差异都不尽相同,因此,今后在核心种质的数据采集、数据分析方法、种质分组、取样比例和策略等方面进行系统深入的研究显得尤为重要和必要。其中,采用何种方法进行分组,以及采用什么样的取样比例和策略等是今后研究的热点和重点,这关系到构建核心种质的代表性和有效性。

(2)及时构建一批大宗园艺作物以及我国原产和特产园艺作物的核心种质。A. H. D. Brown^[10]认为,构建核心种质应在对植物深入评价之前而不是之后,即构建核心种质目的是为了对种质资源进行更深入的评价。据不完全统计,目前全世界大约有果树 2792 种,我国果树大约 670 余种,其中以蔷薇科、芸香科、葡萄科、鼠李科、无患子科的种类较多;全世界的蔬菜种类有 860 多种,在我国栽培的蔬菜种类有 210 种(变种),大多集中于十字花科、百合科、葫芦科、豆科、菊科、茄科和伞形科;全世界有 30 万种都是人们能接受的观赏植物^[1]。然而,迄今为止,我国园艺作物中构建的核心种质还不多,绿叶蔬菜和水生蔬菜基本上还是空白。因此,要突出重点,及时构建一批生产上种植面积大,以及我国原产和特产园艺作物的核心种质将是育种工作者们研究的重点。柑橘类、板栗、枇杷、杨梅、龙眼等果树植物,普通白菜、芥菜类、甘蓝类、南瓜、茄子、百合、茭白、竹笋等蔬菜植物,以及兰花、山茶、杜鹃、水仙、月季等观赏植物,应在构建一批园艺作物初级核心种质和二级核心种质的基础上,分区建立种质资源圃加以保护,并加强管理,以便进一步对它们开展更加深入的鉴定与评价,发现并利用优异基因,促进园艺作物种质创新与遗传改良的研究进程。同时,要强调核心种质的动态性,及时将优异的新创种质和遗漏种质补充进核心种质,同时把原核心种质中的冗余和重复种质及时剔除,保持核心种质与保留种质间的开放性和动态性。

(3)高度重视基于重测序技术快速、精准、高通量地挖掘园艺作物核心种质优异基因的研究。核心种质实质上就是该物种的基因库,从中挖掘与利用优质基因(高产、优质、抗病虫和抗逆基因)是构建核心种质的重要目标之一。目前,以 Roche/454 FLX 和 Illumina/Solexa 为代表的第二代测序技术的广泛应用使得对核心种质的每一份资源进行重测序成为可能。当前作物基因的发掘正朝着高效化、高

通量和简便化的方向快速发展,今后在园艺作物基因的发掘与利用研究方面也要有所创新,针对园艺作物种类繁多,遗传多样性丰富等特点,充分利用基因组测序信息,开发大样本、低丰度的基因分型方法和技术,提高分子标记及基因的发掘效率,制定以产业发展需求为导向的基因发掘策略。由于选材的针对性强和利用效率高等特性,基于核心种质开展快速、精准、高通量优异基因的挖掘与利用研究将是今后一段时间园艺作物核心种质研究的重中之重,该领域研究的国际间竞争也会越来越激烈,应该引起高度重视。

(4)加强科研管理与协作,切实提高核心种质研究成果的共享性。核心种质的构建过程涉及多学科及方向,需要多领域研究人员的共同参与。园艺作物种类繁多,经过长期的驯化栽培和定向选择与培育,产生了众多的变种和类型。由于各单位所掌握的原始材料数量有限,且数据记录、处理方法以及构建策略都各有差异,最终构建获得的核心种质也不尽相同。因此,要加强科研协作,互通有无,对已构建的核心种质进行整合,以形成一个遗传结构更加合理,代表性更好的高质量核心种质。要做到这一点,首先要加强科研成果的管理,做好顶层设计,制定和严格推行只要是国家出资所构建的核心种质都必须到国家基因库中进行备份的政策,对已经获得品种权保护的种质资源按国家有关规定进行有偿使用。其次,根据研究水平和分布地域的差异,择优委托相关研究机构尽快构建一批我国原产和特产园艺作物以及大宗园艺产品的核心种质,最终整合形成国家级的科研共享平台,切实提高核心种质研究成果的共享性。减少低水平重复研究,从而有利于我国园艺作物种质资源的系统深入研究及高效利用。

参考文献

- [1] 曹家树,秦岭.园艺作物种质资源学[M].北京:中国农业出版社,2005:5-100
- [2] 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
- [3] 王永康,吴国良,李登科,等.果树核心种质研究进展[J].植物遗传资源学报,2010,11(3):380-385
- [4] 陈学军,雷刚,周坤华,等.蔬菜核心种质研究进展[J].江西农业大学学报,2015,37(1):60-66
- [5] 李保印,张启翔.我国园艺作物核心种质研究进展[J].果树学报,2007,24(2):204-209
- [6] 李辛雷,李纪元,范正琪.植物遗传资源核心种质研究进展[J].食品安全质量检测学报,2014,5(11):3733-3738
- [7] Frankel O H. Genetic perspectives of germplasm conservation [M]//Arber W, Llimensee K, Peacock W J, et al. Genetic Manipulation: Impact on man and society Cambridge, England: Cambridge University Press, 1984:2-58
- [8] Frankel O H, Brown A H D. Current plant genetic resources - a critical appraisal. Genetics; new frontiers Vol. IV [M]. Oxford and IBH Publishing, 1984:110-167
- [9] Brown A H D, Frankel O H, Marshall R D, et al. The use of plant genetic resources [M]. Cambridge, England: Cambridge University Press, 1989:136-156
- [10] Brown A H D. Core collection: a practical approach to genetic resources management [J]. Genome, 1989, 31:818-824
- [11] 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):51-62
- [12] 李锡香,方智远.从核心种质的研究入手开展农作物友谊基因的挖掘利用[J].中国蔬菜,2005(5):1-7
- [13] 王建成.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,2006
- [14] Upadhyaya H D, Ortiz R. A mini core subset for capturing diversity and promoting utilization of chickpea genetic resources in crop improvement [J]. Theor Appl Genet, 2001, 102:1292-1298
- [15] Hodgkin T. Core collection and conservation of genetic resources [M]//Arora R K, Riley K W. Sesame Bio-diversity in Asia, Conservation, Evaluation and Improvement. New Delhi, India: IPGRI Publishing, 1994:5-8
- [16] 詹世雄,曾宪威.植物核心种质构建方法的研究进展[J].中国农学通报,2010,26(3):279-282
- [17] 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
- [18] 徐海明,邱英雄,胡晋,等.不同遗传距离聚类法和抽样方法构建作物核心种质的比较[J].作物学报,2004,30(9):932-936
- [19] 刘遵春,张春雨,张艳敏,等.利用数量性状构建新疆野苹果核心种质的方法[J].中国农业科学,2010,43(2):358-370
- [20] 徐海明,李晓玲,李金泉,等.整合质量数量性状构建作物核心种质的策略研究[J].浙江大学学报:农业与生命科学版,2005,31(4):362-367
- [21] 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
- [22] 胡晋,徐海明,朱军.保留特殊材料的核心库构建方法[J].生物数学学报,2001,16(3):348-352
- [23] 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
- [24] 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
- [25] 崔艳华,邱丽娟,常汝镇,等.黄淮夏大豆(*G. max*)初选核心种质代表性检测[J].作物学报,2004,30(3):284-288
- [26] 李长涛,石春海,吴建国,等.利用基因型值构建水稻核心种质的方法研究[J].中国水稻科学,2004,18(3):218-222
- [27] Hu J, Zhu J, Xu H M. Methods of constructing core collections by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic values of crops [J]. Theor Appl Genet, 2000, 101(1-2):264-268
- [28] 胡晋.多次聚类构建作物遗传资源核心种质库的方法研究[D].杭州:浙江大学,1999
- [29] 马洪文,殷延勃,王昕,等.利用数量性状构建粳稻核心种质的方法比较[J].西北农业学报,2013,22(11):7-14
- [30] 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
- [31] Geibel M, Roudeillac P, Masny A, et al. The European strawberry database and building up a European core collection [J]. Acta Hort, 2004, 649:41-44
- [32] 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
- [33] 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
- [34] 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

- [35] 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
- [36] Zhang Y F, Zhang Q L, Yang Y, et al. Development of Japanese persimmon core collection by genetic distance sampling based on SSR markers [J]. Biotechnol Biotech Eq, 2009, 23 (4): 1474-1478
- [37] Dong Y H, Liu M J, Li D K, et al. Core collection construction based on botanic and agronomic characters in Chinese jujube[J]. Acta Hort, 2009, 840:225-234
- [38] Zhang J, Wang Y, Zhang X Z, et al. Sampling strategy to develop a primary core collection of apple cultivars based on fruit traits [J]. Afr J Biotechnol, 2010, 9(2):123-127
- [39] 温景辉,申海林,邹利人,等. 山葡萄核心种质初步构建[J]. 东北林业大学学报,2011,39(6):35-37
- [40] 章秋平,刘威生,郁香荷,等. 基于优化 LDSS 法的中国李 (*Prunus salicina*) 初级核心种质构建[J]. 果树学报,2011,28(4):617-623
- [41] 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
- [42] 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 Hort- Amsterdam, 2011, 128:311-319
- [43] Sun Q M, Bai L J, Ke L X, et al. Developing a core collection of litchi (*Litchi chinensis* Sonn.) based on EST-SSR genotype data and agronomic traits [J]. Sci Hort- Amsterdam, 2012, 146:29-38
- [44] Belaj A, del Carmen Dominguez-García M, Atienza S G, et al. Developing a core collection of olive (*Olea europaea* L.) based on molecular markers (DARs, SSRs, SNPs) and agronomic traits [J]. Tree Genet Genomes, 2012, 8:365-378
- [45] 袁海涛. 新疆核桃种质资源基础数据库的建立与核心种质构建方法研究[D]. 乌鲁木齐:新疆农业大学,2012
- [46] Balas F C, Osuna M D, Domínguez G, et al. *Ex situ* conservation of underutilised fruit tree species: establishment of a core collection for *Ficus carica* L. using microsatellite markers (SSRs) [J]. Tree Genet Genomes, 2014, 10:703-710
- [47] Sivalingam P N, Singh D, Chauhan S, et al. Establishment of the core collection of *Ziziphus mauritiana* Lam. from India [J]. Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization, 2014, 12(1):140-142
- [48] de Cristo-Araújo M, Rodrigues D P, Astolfi-Filho S, et al. Peach palm core collection in Brazilian Amazonia [J]. Crop Breed Appl Biot, 2015, 15:18-25
- [49] Hamon S, van Sloten D H. Characterization and evaluation of okra [C]//Brown A H D, Frankel O H, Marshall D R, et al. The use of plant genetic resources. Cambridge, England: Cambridge University Press, 1989:173-196
- [50] 宗绪晓,关建平,王述民,等. 国外栽培豌豆遗传多样性分析及核心种质构建[J]. 作物学报,2008,34(9):1518-1528
- [51] Wang S M, Redden R J, Hu J P, et al. Chinese adzuki bean germplasm: I. Evaluation of agronomic traits [J]. Aust J Agric Res, 2001, 52:671-681
- [52] Pengelly B C, Maass B L. *Lablab purpureus* (L.) Sweet-diversity, potential use and determination of a core collection of this multi-purpose tropical legume [J]. Genet Resour Crop Ev, 2001, 48(3):261-272
- [53] Staub J E, Dane F, Reitsma K, et al. The formation of test arrays and a core collection in cucumber using phenotypic and molecular marker data [J]. J Am Soc Hort Sci, 2002, 127:558-567
- [54] 邱丽娟,曹永生,常汝镇,等. 中国大豆 (*Glycine max*) 核心种质构建. I 取样方法研究[J]. 中国农业科学,2003,36(12):1442-1449
- [55] 庄飞云,赵志伟,李锡香,等. 中国地方胡萝卜品种资源的核心样品构建[J]. 园艺学报,2006,33(1):46-51
- [56] Jansen J, van Hintum T. Genetic distance sampling: a novel sampling method for obtaining core collections using genetic distances with an application to cultivated lettuce [J]. Theor Appl Genet, 2007, 114(3):421-428
- [57] 张亦红. 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
- [58] Zewdie Y, Tong N K, Bosland P. Establishing a core collection of *Capsicum* using a cluster analysis with enlightened selection of accessions [J]. Genet Resour Crop Ev, 2004, 51:147-151
- [59] Okpul T, Singh D, Gunua T, et al. Assessment of diversity using agro-morphological traits for selecting a core sample of Papua New Guinea taro (*Colocasia esculenta* (L.) Schott) collection [J]. Genet Resour Crop Ev, 2004, 51:671-678
- [60] 姜俊辉,杨涛,王芳,等. 国内外蚕豆核心种质 SSR 遗传多样性对比及微核心种质构建[J]. 作物学报,2014,40(7):1311-1319
- [61] 李建春. 萝卜种质资源遗传多样性的 SSR 分析和初级核心种质构建[D]. 重庆:西南大学,2006
- [62] Mahalakshmi V, Ng Q, Atalobhor J, et al. Development of a west african yam *Dioscorea* spp. core collection [J]. Genet Resour Crop Ev, 2007, 54:1817-1825
- [63] 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
- [64] 李国强. 大白菜核心种质的构建与评价[D]. 北京:中国农业科学院,2008
- [65] 王贞,张明,李延龙,等. 韭菜种质资源初级核心库的构建与分析[J]. 河南农业科学,2011,40(9):101-104
- [66] Da Cunha C P, Resende F V, Zucchi M I, et al. SSR-based genetic diversity and structure of garlic accessions from Brazil [J]. Genetica, 2014, 142:419-431
- [67] Colmsee C, Joachim Keller E R, Zanke C, et al. The Garlic and shallot core collection image database of IPK presenting two vegetatively maintained crops in the Federal *ex situ* genebank for agricultural and horticultural crops at Gatersleben, Germany [J]. Genet. Resour. Crop Ev., 2012, 59:1407-1415
- [68] Gopal J, Kumar V, Kumar R, et al. Comparison of different approaches to establish a core collection of Andigena (*Solanum tuberosum* Group Andigena) potatoes [J]. Potato Res, 2013, 56:85-98
- [69] 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
- [70] 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
- [71] Liu J, Wang Z R, Li C, et al. Evaluating genetic diversity and constructing core collections of Chinese *Lentinula edodes* cultivars using ISSR and SRAP markers [J]. J Basic Microb, 2015, 55:749-760
- [72] Hu J B, Wang P Q, Su Y, et al. Microsatellite diversity, population structure, and core collection formation in melon germplasm [J]. Plant Mol Biol Rep, 2015, 33:439-447
- [73] 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
- [74] van Raamsdonk L W D, Wijnker J. The development of a new approach for establishing a core collection using multivariate analyses with tulip as case [J]. Genet Resour Crop Ev, 2000, 47:403-416
- [75] 明军,张启翔,兰彦平. 梅花品种资源核心种质构建[J]. 北京林业大学学报,2005,27(2):65-69
- [76] 赵冰. 腊梅种质资源遗传多样性与核心种质构建的研究[D]. 北京:北京林业大学,2008
- [77] 顾翠花. 中国紫薇属种质资源及紫薇、南紫薇核心种质构建[D]. 北京:北京林业大学,2008
- [78] 李保印,周秀梅,张启翔. 中原牡丹品种资源的核心种质构建研究[J]. 华北农学报,2011,26(3):100-105
- [79] Yuan W J, Lei J S, Han Y J, et al. Development of core collection using morphological descriptors in Sweet osmanthus (*Osmanthus fragrans* Lour.) germplasm [J]. Life Science Journal-Acta

- Zhengzhou University Overseas Edition, 2009, 6(2): 17-22
- [80] 李宝琴. 大菊品种分类研究及核心种质构建初探[D]. 北京: 北京林业大学, 2009
- [81] 郑瑜. 银杏核心种质构建初探[D]. 武汉: 华中农业大学, 2010
- [82] 王晓茜. 中国芍药品种遗传多样性 SRAP 分析和核心种质的初步构建[D]. 泰安: 山东农业大学, 2010
- [83] 杨美, 付杰, 向巧彦, 等. 利用 AFLP 分子标记技术构建花莲核心种质资源[J]. 中国农业科学, 2011, 44(15): 3193-3205
- [84] 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
- [85] Taniguchi F, Kimura K, Saba T, et al. Worldwide core collections of tea (*Camellia sinensis*) based on SSR markers [J]. Tree Genet. Genomes, 2014, 10: 1555-1565
- [86] 王晓武. 园艺作物基因组技术研究及展望[J]. 中国农业科技导报, 2013, 15(2): 14-19
- [87] 乔鑫, 李梦, 殷豪, 等. 果树全基因组测序研究进展[J]. 园艺学报, 2014, 41(1): 165-177
- [88] Lin T, Zhu G, Zhang J, et al. Genomic analyses provide insights into the history of tomato breeding [J]. Nat Genet, 2014, 46(11): 1220-1226
- [89] Kim S, Park M, Yeom S I, et al. Genome sequence of the hot pepper provides insights into the evolution of pungency in *Capsicum* species [J]. Nat. Genet., 2014, 46(3): 270-278
- [90] 李斯更, 沈镡, 刘博, 等. 基于黄瓜基因组重测序的 InDel 标记开发及其应用[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(2): 278-283
- [91] 刘书林, 顾兴芳, 苗晗, 等. 黄瓜黑色果刺基因染色体定位及候选基因分析[J]. 中国农业科学, 2014, 47(1): 122-132
- [92] 王敏, 顾兴芳, 苗晗, 等. 黄瓜成熟瓜网纹基因 H 遗传定位及候选基因分析[J]. 中国农业科学, 2014, 47(8): 1550-1557
- [93] 范建光, 张海英, 宫国义, 等. 西瓜 DUS 测试标准品种 SSR 指纹图谱构建及应用[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(5): 892-899
- [94] Guo S, Zhang J, Sun H, et al. The draft genome of watermelon (*Citrullus lanatus*) and resequencing of 20 diverse accessions [J]. Nat Genet, 2013, 45(1): 51-58
- [95] 孟霖, 刘博, 林良斌, 等. 白菜型油菜和菜薹的 InDel 标记开发及其 RILs 群体遗传连锁图谱的构建[J]. 园艺学报, 2012, 39(8): 1491-1500
- [96] Yu X, Wang H, Zhong W, et al. QTL mapping of leafy heads by genome resequencing in the RIL population of *Brassica rapa* [J]. PLoS one, 2013, 8(10): e76059
- [97] Song X M, Ge T T, Li Y, et al. Genome-wide identification of SSR and SNP markers from the no-heading Chinese cabbage for comparative genomic analyses [J]. BMC Genomics, 2015, 16: 328
- [98] The International Peach Genome Initiative. The high-quality draft genome of peach (*Prunus persica*) identifies unique patterns of genetic diversity, domestication and genome evolution [J]. Nat Genet, 2013, 45: 487-494

欢迎订阅 2017 年《植物资源与环境学报》

《植物资源与环境学报》为江苏省中国科学院植物研究所和江苏省植物学会联合主办的学术刊物, 国内外公开发行。本刊为全国中文核心期刊(北大)、中国科技核心期刊、中国科学引文数据库核心期刊(CSCD)和 RCCSE 中国核心学术期刊(A), 并为 BA、CA、CAB、Elsevier's、中国生物学文摘、中国环境科学文摘、中国科学引文数据库、万方数据——数字化期刊群、中国学术期刊(光盘版)、超星期刊域出版平台和中文科技期刊数据库等国内外著名刊库收录。2013 年荣获“江苏省首届新闻出版政府奖——期刊奖”; 2014 年荣获“江苏省精品科技期刊”称号; 2015 年荣获“第六届江苏省科技期刊金马奖——精品期刊奖”和“江苏省精品科技期刊”称号。

本刊围绕植物资源与环境两个中心命题, 报道我国植物资源的考察、开发利用和植物物种多样性保护, 自然保护区与植物园的建设和管理, 植物在保护和美化环境中的作用, 环境对植物的影响以及与植物资源和植物环境有关学科领域的原始研究论文、研究简报和综述等。凡从事植物学、生态学、自然地理学以及农、林、园艺、医药、食品、轻化工和环境保护等领域的科研、教学、技术人员及决策者均可以从本刊获得相关学科领域的研究进展和信息。

季刊, 每期定价 20 元, 全年 80 元。全国各地邮局均可订阅, 邮发代号: 28-213, 国内统一连续出版物号: CN 32-1339/S, 若错过征订时间或需补齐 1992 年至 2016 年各期者, 请直接与编辑部联系邮购。

地址: 南京中山门外江苏省中国科学院植物研究所内

邮编: 210014

电话: 025-84347014

E-mail: zwzybjb@163.com

网址: <http://www.cnbg.net/Tg/Contribute/Login.aspx>