

川渝地区三年桐核心种质的初步构建

罗建勋¹, 武华卫¹, 辜云杰¹, 王红莉², 高洁¹

(1. 四川林业科学研究院, 四川 成都 610081; 2. 成都市林木种苗站, 四川 成都 610031)

摘要: 对川渝地区 300 份三年桐资源按照种群的方式分成 12 组, 然后运用分组聚类法分别按 30%、25%、20%、15%、10% 的比例抽取 5 个候选核心种质, 比较 Shannon 表型遗传多样性指数 H_1 并与总体种质进行差异显著性检验, 结果显示 20% 为最佳取样比例, 从而确定核心种质 60 份。通过对核心种质进行符合性检验, 平均值符合率、标准差平均符合率和变异系数平均符合率分别为 98.07%、94.12% 和 95.70%。结果表明, 核心种质基本上可以较好的代表总体种质的遗传变异。

关键词: 三年桐; 核心种质; 种群; 分组聚类

中图分类号: S722.1

文献标识码: A

文章编号: 1003-5508(2013)02-0020-04

Establishment of Key Germ Plasm of *Vernicia fordii* in Sichuan and Chongqing Areas

LUO Jian-xun¹ WU Hua-wei¹ GU Yun-jie¹ WANG Hong-li² GAO Jie¹

(1. Sichuan Academy of Forstry, Chengdu 610081, Sichuan, China;

2. Chengdu Tree Seeds and Seedlings Station, Chengdu 610031, Sichuan, China)

Abstract: The 300 parts of VF germplasm materials in Sichuan and Chongqing areas were divided into 12 groups according to the population way, then by group clustering method 5 candidates were collected (in the proportion of 30%, 25%, 20%, 15% and 10%) and their genetic diversity indexes were compared and the significance of their difference was tested. Finally 60 parts of key germ plasm were established under 20% of the sampling rate. Through testing the characteristic value coincidence of key germ plasma, the mean compliance rate, the standard deviation rate and the coefficient of variation were 98.07%, 94.12% and 95.70%, which showed that the primary key germ plasm was able to represent genetic variation of the total germplasm.

Key words: *Vernicia fordii*, Key germ plasm, Population, Group clustering

三年桐 (*Aleurites fordii* Hemsl) 学名油桐, 生长快, 结实早, 产量高, 是我国特有的经济林木, 为我国四大木本油料植物之一。四川省为我国三年桐生产的四大省份之一, 且产量居全国首位。由于诸多原因, 四川油桐种质资源丢失严重, 急需进行保护。近两年, 油桐价格回升很快, 对油桐优良种质资源收集、评价和利用就显得尤为重要。

向青等较系统的评价了川渝地区三年桐的种质资源, 构建了核心种质, 减少了保存种质的份数, 有

效地保存了表型多样性。本文首次报道川渝地区三年桐核心种质的构建方案。

1 材料和方法

1.1 材料

研究材料为川渝地区三年桐种质资源: 朝天群体 (30 份)、万源群体 (30 份)、平昌群体 (20 份)、梓潼群体 (30 份)、万州群体 (29 份)、邛崃群体 (14

收稿日期: 2012-12-04

基金项目: 重要树种种质资源保护与可持续利用关键技术研究 (项目编号: 201204307)。

作者简介: 罗建勋 (1964-) 男, 博士/研究员。研究方向: 林木遗传育种。Email: Janxunl@263.net

份)、涪陵群体(25份)、荣县群体(17份)、秀山群体(27份)、美姑群体(18份)、盐源群体(30份)、会东群体(30份),总计300份。

1.2 方法

1.2.1 取样技术

取样技术是核心种质构建中最关键的一步,由数据分组、取样方法、取样比例3部分组成。本研究采取分组聚类法,分别在30%、25%、20%、15%、10%的比例下对300份三年桐种质资源抽取5个候选核心种质,根据各自的表型多样性保有量,从中最终选出三年桐表型多样性核心种质库。

(1) 数据分组

植物在长期自然与人为选择压力下,在不同生境中形成了不同的遗传结构,在同一物种内部不同地理来源种质有不同遗传多样性的表现。根据对川渝地区三年桐种质资源的表型多样性分析发现,三年桐不同种群间存在较大的变异,因此本研究按照种群的方式将300份三年桐资源分成12组。

(2) 取样方法

将300份三年桐种质资源按照群体进行分组后,对同一群体内的资源进行聚类。在聚类结果中,将遗传相似系数较大的种质组合按照出籽率进行比较,剔除出籽率较小的种质,剩余种质再聚类,代表性或核心种质量达到要求后,组成核心库。根据取样比例从大到小分别对核心库命名为A1、A2、A3、A4、A5。

(3) 取样比例

在国内外不同植物核心种质构建中,核心种质的比例为该物种全部收集品的5%~30%^[2],本研究分别按30%(90)、25%(75)、20%(60)、15%(45)、10%(30)的比例进行取样,比较Shannon表型遗传多样性指数 H_1 并与总体种质进行差异显著性检验,将差异不显著且数值较大者作为最佳取样比例,从而确定核心种质。

多样性指数计算:将三年桐表型各个性状按数值大小分为5个类别后会产生各别性状值范围,依据该性状值范围分别统计5个候选核心库类别的频率,再根据Shannon信息指数的公式进行计算,最后5个候选核心库的遗传多样性指数取各性状的平均值,其计算公式^[2]是: $I = - \sum P_{ij} \ln P_{ij}$,其中 i 代表三年桐表型性状, j 代表各别性状值范围, P_{ij} 为某候选核心库性状 i 在 j 范围的频率值。

1.2.2 评价方法

获得核心种质后,对核心种质进行符合性检验,对平均值符合率(CM)、标准差符合率(CS)和变异系数符合率(VR)3个评价指标计算,数值越大则说明核心种质越能代表原始群体的遗传多样性。平均值符合率、标准差符合率、变异系数符合率公式如下:

$$(1) CS = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{S_{C(i)}}{S_{T(i)}} \times 100$$

$$(2) CM = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{M_{C(i)}}{M_{T(i)}} \times 100$$

$$(3) VR = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{cv_{C(i)}}{cv_{T(i)}} \times 100$$

其中, $M_{C(i)}$ 、 $M_{T(i)}$ 分别是核心种质和总体种质第 i 个性状的平均值, $S_{C(i)}$ 、 $S_{T(i)}$ 分别是核心种质和总体种质第 i 个性状的标准差, $CV_{C(i)}$ 、 $CV_{T(i)}$ 分别是核心种质和总体种质第 i 个性状的变异系数, n 是数量性状总数。

2 结果与分析

2.1 分组聚类筛选结果

对各群体内的资源进行聚类,在群体内的聚类结果中,将遗传相似系数较大的种质组合按照出籽率进行比较,选出出籽率较大的种质,群体分组聚类筛选结果表1。

2.2 5种取样比例样品遗传多样性指数的差异显著性检验及比较

对5种取样比例样品与总体种质遗传多样性指标的差异显著性进行检验,结果表明,A1、A2与总体种质存在显著差异($\alpha = 0.05$),A3、A4、A5与总体种质不存在显著差异,由此说明A3、A4、A5在表型上能代表全部供试种质。再从表23可以看出,以Shannon遗传多样性指数为标准时,A3(1.2659)的遗传多样性指数比A4(1.1122)、A5(0.8382)大。因此,本研究认为三年桐的核心种质构建的总体取样比例以20%为最佳。

因此,三年桐核心种质中包括60份种质资源,其中朝天群体6份,万源群体6份,平昌群体4份,梓潼群体6份,万州群体6份,邛崃群体3份,涪陵群体5份,荣县群体3份,秀山群体5份,美姑群体4份,盐源群体6份,会东群体6份。

表 1
Table 1
The filtering result of group clustering method in *Vernicia fordii* 12 populations

核心库编号	样品数	样品号
A1(30%)	90	1-2, 1-3, 1-7, 1-8, 1-9, 1-20, 1-23, 1-24, 1-27, 2-1, 2-2, 2-4, 2-11, 2-13, 2-14, 2-18, 2-28, 2-30, 3-6, 3-8, 3-11, 3-14, 3-16, 3-19, 4-2, 4-3, 4-6, 4-7, 4-11, 4-14, 4-21, 4-24, 4-30, 5-8, 5-12, 5-14, 5-15, 5-16, 5-17, 5-18, 5-25, 5-26, 6-4, 6-7, 6-8, 6-9, 7-2, 7-4, 7-6, 7-12, 7-13, 7-17, 7-20, 7-23, 8-1, 8-11, 8-14, 8-15, 8-16, 9-2, 9-5, 9-13, 9-18, 9-20, 9-24, 9-26, 9-27, 10-7, 10-8, 10-13, 10-14, 10-16, 11-2, 11-11, 11-12, 11-15, 11-18, 11-19, 11-23, 11-26, 11-29, 12-2, 12-5, 12-6, 12-7, 12-11, 12-16, 12-18, 12-25, 12-30
A2(25%)	75	1-2, 1-3, 1-7, 1-8, 1-9, 1-23, 1-24, 1-27, 2-1, 2-2, 2-11, 2-13, 2-14, 2-18, 2-28, 2-30, 3-6, 3-8, 3-14, 3-16, 3-19, 4-2, 4-6, 4-7, 4-11, 4-14, 4-21, 4-24, 4-30, 5-12, 5-14, 5-15, 5-16, 5-17, 5-18, 5-25, 6-4, 6-7, 6-8, 6-9, 7-2, 7-4, 7-6, 7-13, 7-20, 7-23, 8-1, 8-11, 8-14, 8-15, 9-5, 9-13, 9-18, 9-20, 9-24, 9-26, 9-27, 10-8, 10-13, 10-14, 10-16, 11-2, 11-11, 11-12, 11-19, 11-23, 11-26, 11-29, 12-2, 12-5, 12-6, 12-7, 12-11, 12-16, 12-25
A3(20%)	60	1-2, 1-7, 1-9, 1-23, 1-24, 1-27, 2-1, 2-2, 2-11, 2-13, 2-14, 2-18, 2-30, 3-8, 3-14, 3-16, 3-19, 4-2, 4-6, 4-11, 4-14, 4-21, 4-30, 5-12, 5-14, 5-15, 5-16, 5-18, 5-25, 6-7, 6-8, 6-9, 7-2, 7-6, 7-13, 7-20, 7-23, 8-11, 8-14, 8-15, 9-13, 9-18, 9-20, 9-24, 9-26, 10-8, 10-13, 10-14, 10-16, 11-2, 11-12, 11-19, 11-23, 11-26, 11-29, 12-2, 12-5, 12-6, 12-7, 12-11, 12-16
A4(15%)	45	1-7, 1-9, 1-23, 1-24, 1-27, 2-11, 2-13, 2-14, 2-18, 2-30, 3-8, 3-16, 3-19, 4-6, 4-11, 4-14, 4-21, 4-30, 5-14, 5-15, 5-16, 5-25, 6-8, 6-9, 7-2, 7-6, 7-13, 7-20, 8-14, 8-15, 9-18, 9-20, 9-24, 9-26, 10-8, 10-13, 10-16, 11-2, 11-23, 11-26, 11-29, 12-2, 12-5, 12-6, 12-11
A5(10%)	30	1-23, 1-24, 1-27, 2-11, 2-14, 2-30, 3-8, 3-19, 4-6, 4-21, 4-30, 5-14, 5-16, 5-25, 6-9, 7-2, 7-8, 8-14, 8-15, 9-18, 9-24, 9-26, 10-8, 10-16, 11-23, 11-26, 11-29, 12-5, 12-6, 12-11

注: 样品号 1-7 表示朝天群体 7 号单株; 1-朝天; 2-万源; 3-平昌; 4-梓潼; 5-万州; 6-邛崃; 7-涪陵; 8-荣县; 9-秀山; 10-美姑; 11-盐源; 12-会东。

表 2 5 种取样比例样品的遗传多样性指数差异显著性检验及比较

Table 2 The comparison and testing of genetic diversity in 5 candidates

性状 群体	总体种质	A1 (30%)	A2 (25%)	A3 (20%)	A4 (15%)	A5 (10%)
果重(g)	1.0178	1.7522	1.7004	1.6197	1.4639	1.2758
果长径(cm)	1.0464	1.7950	1.7324	1.6181	1.4210	1.1788
果宽径(cm)	1.0717	1.8107	1.7149	1.6152	1.3933	1.1782
果长径(宽径)	1.4205	1.3995	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
果皮厚度(cm)	1.0585	1.8099	1.6989	1.6247	1.3888	1.1848
种子粒数(粒)	0.4210	1.7699	1.7245	1.6157	1.2763	1.0234
种子单粒重(g)	1.1116	1.8026	1.7298	1.6071	1.4224	1.1617
种子总重(g)	1.1049	1.7865	1.7212	1.6232	1.4210	1.1841
种子长径(cm)	0.8041	1.7847	1.7173	1.6225	1.4897	0.0000
种子宽径(cm)	0.8333	1.7016	1.7565	0.0000	0.0000	0.0000
种子窄径(cm)	0.9280	1.6821	1.7387	0.0000	0.0000	0.0000
种子长径(宽径)	0.5491	1.7682	1.7153	1.6055	1.4335	1.2187
种子长径(窄径)	0.7618	1.7751	1.7192	1.5693	1.4585	1.1855
出籽率(%)	1.3874	1.8055	1.7365	1.6021	1.4021	1.1433
平均	0.9654	1.7460	1.6004	1.2659	1.1122	0.8382
P	—	0.0009	0.0122	0.5875	0.9682	0.9830

表 3 三年桐核心种质库与总体种质各性状特征值比较

Table 3 Comparison of characteristic value between total and key germ plasm in *Vernicia fordii*

性状	总体种质						核心种质库					
	平均值	最大值	最小值	相对极差	标准差	变异系数	平均值	最大值	最小值	相对极差	标准差	变异系数
果重(g)	19.47	7.20	49.03	2.15	5.13	0.26	20.32	49.03	7.99	2.02	6.32	31.11
果长径(cm)	4.29	2.41	6.97	1.06	0.60	0.14	4.33	5.93	3.23	0.62	0.61	14.09
果宽径(cm)	4.33	2.72	6.44	0.86	0.47	0.11	4.41	6.17	2.95	0.73	0.52	11.69
果长径(宽径)	0.99	0.70	1.14	0.44	0.11	0.11	0.99	1.30	0.70	0.61	0.11	11.07
果皮厚度(cm)	0.22	0.10	0.49	1.77	0.05	0.23	0.22	0.42	0.10	1.45	0.06	24.94
种子粒数(粒)	4.32	1.00	8.00	1.62	0.71	0.16	4.40	7.00	1.00	1.36	0.76	17.18
种子单粒重(g)	2.51	0.31	5.00	1.87	0.65	0.26	2.64	5.00	0.31	1.78	0.69	26.25
种子总重(g)	9.95	2.72	23.78	2.12	2.84	0.29	10.68	23.78	2.72	1.97	3.30	30.91
种子长径(cm)	2.46	1.40	3.70	0.93	0.21	0.09	2.50	3.23	1.54	0.68	0.22	8.79
种子宽径(cm)	1.92	1.02	2.99	1.03	0.18	0.09	1.94	2.62	1.50	0.58	0.18	9.10
种子窄径(cm)	1.52	1.11	2.19	0.71	0.12	0.08	1.53	1.91	1.22	0.45	0.12	7.59
种子长径(宽径)	1.29	0.54	2.70	1.67	0.14	0.11	1.29	1.88	0.79	0.84	0.14	10.49
种子长径(窄径)	1.63	1.00	2.55	0.95	0.13	0.08	1.63	2.20	1.11	0.67	0.13	8.00
出籽率(%)	51.80	26.31	81.61	1.07	10.39	0.20	53.52	78.20	32.52	0.85	10.91	20.39

2.3 三年桐核心种质库与总体种质表型性状特征值比较

从表 3 和表 4 可以看出,三年桐核心种质库与总体种质 14 个性状的平均值、最大值、最小值、相对极差、标准差、变异系数特征值的比较情况,同时平均值符合率为 98.07%,标准差平均符合率为 94.12%,变异系数平均符合率为 95.70%,说明核心种质基本上可以较好的代表总体种质的遗传变异。

3 结论与讨论

3.1 核心种质的作用

对种质资源遗传多样性的深入评价是有效利用种质资源的前提,而核心种质的构建不但可为三年

表 4 三年桐核心种质库与总体种质各性状特征值符合率比较

Table 4 Comparison of characteristic value coincidence between total and key germ plasm in *Vernicia fordii*

性状	特征值符合率(%)		
	平均值	标准差	变异系数
果重(g)	95.82	81.17	84.70
果长径(cm)	99.08	98.36	99.29
果宽径(cm)	98.19	90.38	92.81
果长径/宽径	100.00	100.00	100.00
果皮厚度(cm)	100.00	83.33	91.14
种子粒数(粒)	98.18	93.42	95.69
种子单粒重(g)	95.08	94.20	98.67
种子总重(g)	93.16	86.06	92.33
种子长径(cm)	98.40	95.45	97.16
种子宽径(cm)	98.97	100.00	97.01
种子窄径(cm)	99.35	100.00	96.20
种子长径/宽径	100.00	100.00	96.68
种子长径/窄径	100.00	100.00	99.75
出籽率(%)	96.79	95.23	98.38
平均	98.07	94.12	95.70

桐育种提供亲本材料,同时也有助于了解三年桐种质资源遗传多样性的组成特点、分布状况和利用价值,对以后其种质资源的有效保护提供合理的策略。

3.2 最佳取样比例的确定及作用

核心种质是以最小的资源数量和遗传重复最大程度地代表整个遗传资源的多样性^[3],那么取样比例的确定尤为重要,取样比例也会因核心种质的构建目的、管理上的可操作性等的不同而有所差异。本研究对 300 份三年桐种质资源按照种群的方式分

成 12 组后运用分组聚类法,分别按 30%、25%、20%、15%、10% 的比例抽取 5 个候选核心种质,比较 Shannon 表型遗传多样性指数 H_1 ,并与总体种质进行差异显著性检验,确定 20% 为最佳取样比例,从而确定核心种质 60 份。最后,对核心种质进行符合性检验,平均值符合率为 98.07%,标准差平均符合率为 94.12%,变异系数平均符合率为 95.70%,说明核心种质基本上可以较好的代表总体种质的遗传变异。

3.3 核心种质应不断完善

核心种质具有动态性,应随时间和数据的补充不断调整和完善,一方面要剔除新发现的冗余材料,另一方面可能具有特定遗传特性的新征集的材料也应被保存进核心种质库。在日后应增加分子水平研究的数据,将表型标记与分子标记等充分整合起来构建核心种质。最大限度代表遗传多样性,以利于种质资源的长期保存和有效利用。

参考文献:

- [1] 向青. 川渝地区油桐种质资源评价和核心种质的初步构建[D]. 雅安: 四川农业大学, 2012.
- [2] Lindroth R L, Osier T L, Barnhill H R H et al. Effects of genotype and nutrient availability on phytochemistry of trembling aspen (*Populus tremuloides* Michx) during leaf senescence[J]. *Biochemical Systematics and Ecology* 2002, 30: 297 ~ 307.
- [3] Frankel O H, Brown A H D. *Current plant genetic resources—a critical appraisal*. Genetics: New Frontiers Vol. IV [J]. Oxford and IBH Publishing, 1984.