

韭菜种质资源初级核心库的构建与分析

王 贞, 张 明*, 李延龙, 曹秀敏, 王利亚, 杨婉玉

(平顶山市农业科学院, 河南 平顶山 467001)

摘要: 以韭菜种质资源圃的 174 份韭菜种质资源为材料, 根据 15 个表型性状进行聚类, 在遗传距离 5.3 处将聚类结果分为 14 类, 利用简单比例法和人工选择相结合的方法对每一类进行筛选, 共选出 69 份种质资源建立韭菜种质资源初级核心库, 占总体样本比例的 40%。对该初级核心库的遗传多样性进行检测, 除了鞘长和叶宽遗传多样性指数较总种质资源库略有降低外, 其他性状都有所提高; 初级核心库与原始种质资源库的均值差异百分率为 0, 变异系数变化率为 106.14%, 极差符合率为 94.43%; 初级核心资源库中与叶厚、叶数显著相关的性状分别损失 2 个, 其他性状间的相关性与总种质资源基本保持一致。结果表明, 所构建的初级核心库能够很好地保留韭菜种质资源的遗传多样性和遗传结构。

关键词: 韭菜; 种质资源; 聚类分析; 初级核心库; 遗传多样性

中图分类号: S633.3 文献标识码: A 文章编号: 1004-3268(2011)09-0101-04

Establishment and Analysis of Primary Core Collection of Leek Germplasm

WANG Zhen, ZHANG Ming*, LI Yan-long, CAO Xiu-min, WANG Li-ya, YANG Wan-yu

(Pingdingshan Academy of Agricultural Sciences, Pingdingshan 467001, China)

Abstract: A total of 174 accessions of leeks germplasm collected from Germplasm Repository were used in this study. According to the clustering result of 15 phenotypic traits, all the accessions were divided into 14 categories when the genetic distance was 5.3. Based on combination of simple ratio method and artificial, we established a primary core collection containing 69 accessions of leeks germplasm, which accounted for 40% of the whole collection. Compared with the whole collection, the genetic diversity index of primary core collection was higher than that of initial accessions except for plant sheath length and leaf width. Between core collection and initial collection, the mean difference percentage was 0, the variation coefficient rate was 106.14%, and coincidence rate for range was 94.43%. The significant correlation was found between the leaf thickness and other traits, and the leaf number and other traits were respectively missed two traits in the primary core repository. The other traits correlations were consistent with the traits correlations in total repository. The results showed that the genetic variation and genetic structure of the accessions can be well preserved in this primary core collection.

Key words: Leek; Germplasm; Cluster analysis; Primary core collection; Genetic diversity

据史料记载, 韭菜作为蔬菜栽培, 已有 3000 多年的历史^[1], 在长期的生产实践中积累了丰富的种

质资源。韭菜种质资源是韭菜育种的遗传物质基础, 如何妥善保存并有效利用成为新课题。Frankel

收稿日期: 2011-04-11

基金项目: 河南省科技攻关项目(623010200)

作者简介: 王 贞(1982-), 女, 河南叶县人, 研究实习员, 硕士, 主要从事作物育种研究。E-mail: wangzhen0682@163.com.

* 通讯作者: 张 明(1963-), 男, 河南汝州人, 副研究员, 主要从事作物育种工作。E-mail: mzm269@163.com

等^[2]和 Brown^[3]发展起来的核心种质学说为解决这一问题提出了新途径,即构建核心种质,以最少数量的种质材料代表一个作物种及其近缘野生种最大限度的遗传多样性。利用核心种质对种质资源进行更为广泛的评价,使核心种质在作物育种改良中有着极其重要的价值^[4]。构建韭菜种质核心库的主要目的是提高种质资源圃的保存效率,便于韭菜种质资源的深入研究和种质创新,并为下一步在分子水平上建立韭菜指纹图谱,分析韭菜种质资源的遗传多样性打下基础。

1 材料和方法

1.1 韭菜种质材料的收集

在全国 29 个省市自治区范围内引进国内韭菜种质资源 172 份,此外,还有日本和俄罗斯种质资源各 1 份,共 174 份,占国家种质资源库韭菜种质资源总量的 64.93%。

1.2 韭菜试验数据采集

根据韭菜生长规律和特征特性,以同期播种的同龄材料作为研究对象,试验地地力条件一致,肥水管理相同,连续 2 a 调查株高、鞘长、叶厚、叶宽、鞘

粗、叶数、单株质量等 7 个数量性状和抗寒性、灰霉病、疫病、干尖、生长势、分蘖力、株形、叶色等 8 个质量性状。每个小区试验面积 6 m²,进行统一管理、调查、收割,单株性状每次每个品种调查 20 株。

1.3 方法

1.3.1 韭菜种质资源聚类及取样方法 采用 DPS 数据分析软件,将表型性状数据标准化,样品间遗传距离采用欧式距离,用非加权配对算术平均聚类法(UPGMA)对其进行系统聚类。确定初级核心库的资源比例占总资源比例的 40%,在分类的基础上,采用简单比例法和人工选择法相结合的方法进行取样。

1.3.2 韭菜种质资源初级核心库代表性检验

(1)对质量性状和分级性状计算遗传多样性指数(Shannon's-Waver 指数, I)^[5]。对质量性状进行赋值,赋值标准见表 1;数量型性状依据均值(\bar{X})和标准差(δ)分为 10 级,1 级 $X_i < \bar{X} - 2\delta$,10 级 $X_i > \bar{X} + 2\delta$,中间每级间相差 0.5 δ 。每一级的相对频率用于计算多样性指数。多样性指数公式为: $H = -\sum P_i \ln P_i$,式中 P_i 为某性状第 i 级别内材料份数占总份数的百分比。

表 1 韭菜质量性状赋值

性状	赋值
抗寒性	1=抗寒;2=不抗寒
灰霉病	1=轻:(百株中感病叶)5%以下;2=中:20%左右;3=中+:40%左右;4=中++:60%左右;5=重:80%以上
疫病	1=轻:(百株中感病叶)5%以下;2=中:20%左右;3=中+:40%左右;4=中++:60%左右;5=重:80%以上
干尖	1=强:(平均单株干尖)0.2 cm 以下;2=中+:0.2~0.4 cm;3=中:0.4~0.8 cm;4=中-:0.8~1 cm;5=弱:1 cm 以上
生长势	1=强;2=中等;3=弱
分蘖力	1=强:(平均单株年分蘖)9 个以上;2=中等:6~9 个;3=弱:6 个以下
株形	1=紧凑:70%以上植株的叶鞘与地面夹角近 90°角;2=半紧凑:70%以上植株的叶鞘与地面夹角 70°角左右;3=松散:50%左右植株的叶鞘与地面形成小于 45°角
叶色	1=深绿;2=绿;3=浅绿

(2)对数量性状均值差异进行 t 检验,数量性状遗传多样性采用均值差异百分率、极差符合率、变异系数变化率进行评价,公式如下^[6]:均值差异百分率 $MD(\%) = (S_i/n) \times 100$;变异系数变化率 $VR(\%) = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n \frac{CV_{C(i)}}{CV_{I(i)}} \times 100$;极差符合率 $CR(\%) = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n \frac{R_{C(i)}}{R_{I(i)}} \times 100$ 。式中, S_i 是核心种质库与原始群体进行 t 测验得到均值差异显著($\alpha=0.05$)的性状数; $R_{C(i)}$ 是核心种质库第 i 个性状的极差; $R_{I(i)}$ 是原始群体第 i 个性状的极差; $CV_{C(i)}$ 是核心种质库第 i 个性状的变

异系数; $CV_{I(i)}$ 是原始群体第 i 个性状的变异系数; n 是数量性状总数。

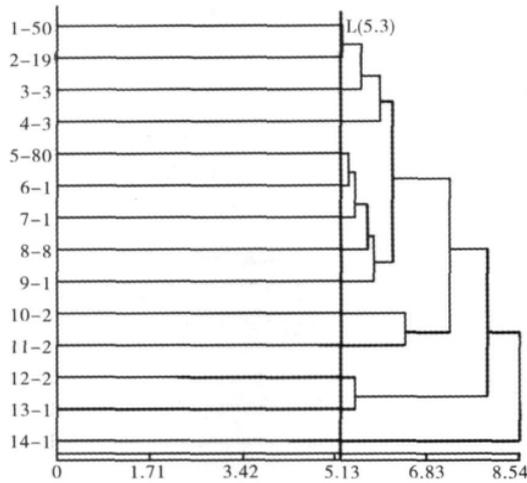
(3)各性状相关性分析,分别计算原始群体和初级核心种质各性状间的相关系数,评价初级核心库各性状间的相关性是否改变。

2 结果与分析

2.1 韭菜初级核心库的建立

通过对 174 份韭菜种质的 15 个性状数据进行聚类分析,在欧式距离 5.3 处将聚类结果分成 14 类(图 1),按 40%的取样比例,每一类按照简单比例和

人工选择相结合的方法进行取样,构成韭菜种质资源初级核心库。



左边数字 1 代表第 1 类,50 代表第 1 类包含 50 个种质资源,依次下同

图 1 韭菜种质资源聚类结果

2.2 韭菜种质资源遗传多样性指数分析

由 174 份韭菜种质资源通过聚类后抽取 69 份种质材料组成初级核心库。初级核心库与总种质资源的 15 个性状的遗传多样性指数见表 2。由表 2 可知,除了鞘长和叶宽的多样性指数较总种质资源库略有降低外,其他各性状的多样性指数都较总种质资源库有所提高,初步说明核心种质已代表了全

部种质的遗传多样性。

表 2 韭菜种质资源遗传多样性指数比较

性状	初级核心库	总种质资源	性状	初级核心库	总种质资源
抗寒性	0.68	0.33	株高	2.2	1.97
灰霉病	1.28	0.99	鞘长	1.99	2.04
疫病	1.51	1.21	叶厚	2.09	2.06
干尖	1.49	1.21	叶宽	1.99	2.04
生长势	1.03	0.65	鞘粗	2.04	2.03
分蘖力	1.06	0.73	叶数	2.07	2.04
株形	0.78	0.46	单株质量	2.02	2.02
叶色	0.93	0.55			

2.3 韭菜种质资源数量性状遗传多样性分析

由表 3 可知,初级核心库与总种质资源库的极差、均值、标准差、变异系数和方差从数值上来看变化均不大,经均值 t 检验和方差 F 检验,各性状均没有显著性变化,说明初级核心库数量性状遗传多样性基本保持了总种质资源库的特征。

若同时符合条件:(1)核心种质与原始群体的均值差异百分率小于等于 20%;(2)核心种质与原始群体的极差符合率不低于 80%^[7],则可认为该核心种质能够代表总种质资源群体的遗传变异及结构。由表 3 可知,该初级核心库与总种质资源库的均值差异百分率为 0,变异系数变化率为 106.5%,极差符合率为 94.54,说明构建的初级核心库能够代表总种质资源。

表 3 韭菜种质资源数量性状遗传多样性评价

性状	初级核心库					总种质资源库					均值 t 检验	方差 F 检验	极差符合率/%	均值差异百分率	变异系数变化率/%
	极差	均值	标准差	变异系数	方差	极差	均值	标准差	变异系数	方差					
株高	24.8	39.42	4.32	0.11	18.7	25.43	39.59	4.13	0.10	17.09	-0.328	0.074	98	0	105
鞘长	4.98	6.60	1.26	0.19	1.589	6.35	6.68	1.30	0.19	1.678	-0.554	0.165	78	0	96
叶厚	0.14	0.20	0.03	0.12	0.001	0.15	0.21	0.02	0.11	0.001	-1.862	0.371	93	0	110
叶宽	0.64	0.93	0.14	0.16	0.021	0.64	0.94	0.13	0.14	0.018	-0.716	0.825	100	0	110
鞘粗	0.60	0.58	0.08	0.14	0.007	0.60	0.58	0.07	0.13	0.005	0.309	0.552	100	0	113
叶数	2.40	5.60	0.55	0.10	0.299	2.60	5.54	0.52	0.09	0.268	0.841	0.597	92	0	105
单株质量	9.20	8.83	1.87	0.21	3.509	9.20	8.84	1.81	0.20	3.28	-0.033	0.050	100	0	104
平均													94.43	0	106.14

注: ** 表示在 0.01 水平上相关显著; * 表示在 0.05 水平上相关显著。下同

2.4 韭菜种质资源各性状相关性分析

在构建核心种质的过程中,核心种质的抽样常会造成复杂数量性状间的相关性发生变化,一个好的核心种质应该能够较好地保存原始群体性状间固有的相关性。由表 4 可知,初级核心资源库较总种质资源库各性状

间相关系数发生了一些变化,初级核心资源库中叶厚与其他性状间的相关显著性和叶数与其他性状间的相关显著性分别损失 2 个,其他性状间的相关性与总种质资源基本保持一致,表明初级核心种质群体在一定程度上保留了总种质资源性状间的遗传复杂性和关联。

表 4 初级核心库种质(左下角)与总种质资源(右上角)各性状间相关系数的变化

性状	株高	鞘长	叶厚	叶宽	鞘粗	叶数	单株质量
株高	1	0.696**	0.246**	0.477**	0.546**	-0.269**	0.660**
鞘长	0.676**	1	0.220**	0.568**	0.569**	-0.424**	0.556**
叶厚	0.134	0.163	1	0.370**	0.275**	0.120	0.565**
叶宽	0.516**	0.578**	0.361**	1	0.727**	-0.358**	0.767**
鞘粗	0.563**	0.570**	0.283*	0.806**	1	-0.198**	0.715**
叶数	-0.169	-0.364**	0.106	-0.339**	-0.118	1	-0.104
单株质量	0.646**	0.564**	0.568**	0.810**	0.778**	-0.093	1

3 结论与讨论

本研究中的种质资源占国家韭菜种质资源总量的 64.93%，具有一定的代表性。核心样本总体取样比例受原始群体的大小和遗传结构的影响，总资源多的物种其核心种质所占的比例可小一些，反之取样比例可以适当提高^[5]。由于本研究所利用的原始群体较少，同时考虑到数据库中性状值有缺失，为了尽量减少遗传变异的丢失，将初级核心种质的总体取样比例设为 40%。所构建出的初级核心种质经检测分析能够保留 174 份原始群体的遗传多样性和遗传结构。

构建核心种质应用较多的方法是利用各种性状的差异来剔除亲缘关系相近的样品，从而取得核心样品。但是这些表型性状易受气候、地理位置等环境因素以及引种过程中的杂乱现象影响而表现不稳定。同时，在抽取初级核心库的过程中，划分多少类，以及选取哪种种质资源既需要结合数据特征也需要专业知识背景。因此资源库的构成也需要随着科技的发展、认识的加强而不断完善。

参考文献：

[1] 尹守恒,刘宏敏. 韭菜[M]. 郑州:河南科学技术出版社,2007:6-7.

[2] Frankel O H, Brown A H D. Current plant genetic resources a critical appraisal[M]// Chopra V L, Joshi B C, Sharma R P, et al. Genetics; new frontiers. Oxford and IBH Publishing, New Delhi, India, 1984.

[3] Brown A H D. Core collections; a practical approach to genetic resources management[J]. Genome, 1989, 31: 818-824.

[3] 孙邦升,刘喜才,张丽娟,等. 高产马铃薯种质资源核心样品的初步建立[J]. 中国马铃薯, 2008, 22(3): 148-151.

[5] 章秋平,刘威生,刘宁,等. 普通杏(*Prunus armeniaca*)初级核心种质资源的构建及评价[J]. 果树学报, 2009, 26(6): 819-825.

[6] 徐海明. 种质资源核心库构建方法的研究及其应用[D]. 杭州:浙江大学, 2005.

[7] 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]. Theoretical and Applied Genetics, 2000, 101: 264-268.