

钟永达,赵善文,程泽龙,等.基于种苗表型初步构建中国樟树核心种质[J].江西农业大学学报,2019,41(1):81-89.



基于种苗表型初步构建中国樟树核心种质

钟永达¹,赵善文²,程泽龙²,李彦强¹,刘立盘¹,杨爱红¹,孙小艳¹,刘腾云¹,
刘淑娟¹,肖亮¹,周华¹,吴照祥¹,蒋祥英²,余发新^{1*}

(1.江西省科学院 生物资源研究所/江西省观赏植物遗传改良重点实验室,江西 南昌 330096;2.江西省景德镇枫树山林场,江西 景德镇 333000)

摘要:樟树是我国重要的经济、用材和绿化树种。构建中国樟树核心种质,不仅能准确快速挖掘优异基因源,而且能减少工作量、提高育种效率。以樟树种质资源库中的872份樟树种质资源为材料,根据种源分成45个组,基于种子大小、千粒质量、苗高和地径4个表型性状数据,构建了217份中国樟树核心种质。利用不同性状的多样性指数 t 检验、均值 t 检验、方差 F 检验、均值、极差、变异系数、表型方差、表型频率方差、表型保留比例、变异系数变化率、极差符合率等11个参数和主成分分析进行核心种质代表性检验和评价。结果表明,所构建的中国樟树核心种质能够较好的代表全部种质的遗传多样性。

关键词:樟树;核心种质;种源;表型

中图分类号:S792.23 **文献标志码:**A **文章编号:**1000-2286(2019)01-0081-09

Preliminary Construction of Core Collection of *Cinnamomum camphora* Based on Seedling Phenotypic Data

ZHONG Yong-da¹, ZHAO Shan-wen², CHENG Ze-long², LI Yan-qiang¹,
LIU Li-pan¹, YANG Ai-hong¹, SUN Xiao-yan¹, LIU Teng-yun¹,
LIU Shu-juan¹, XIAO Liang¹, ZHOU Hua¹, WU Zhao-xiang¹,
JIANG Xiang-ying², YU Fa-xin^{1*}

(1. The Key Laboratory of Horticultural Plant Genetics and Improvement of Jiangxi Province, Institute of Biological Resources, Jiangxi Academy of Sciences, Nanchang 330096, China; 2. Fengshushan Forest Farm, Jingdezhen, Jiangxi 333000, China)

Abstract: Camphor tree (*Cinnamomum camphora*) is an important tree with economic, commercial and ornamental value. The construction of camphor tree core collection in China will not only excavate excellent gene resources accurately and rapidly, but also improve breeding efficiency. A total of 872 germ plasm collections of

收稿日期:2018-07-07 **修回日期:**2018-10-21

基金项目:国家自然科学基金项目(31860079)、江西省科技支撑计划项目(20151BBF60018)和江西省林业科技创新专项(201701)

Project supported by the National Natural Science Foundation of China (31860079), the Science and Technology Planning Project of Jiangxi Province (20151BBF60018) and the Forestry Science and Technology Innovation Special Project of Jiangxi (201701)

作者简介:钟永达(1982—),男,副研究员,博士,主要从事林木遗传育种研究, zhongyongda@jxas.ac.cn; *通信作者:余发新,研究员,博士, fxyu2000@126.com。

camphor were sampled and divided into 45 groups based on the provenance. The resultant core collection including 217 accessions was constructed with 4 traits including seed size and weight, seedling height and ground diameter. Furthermore the representativeness between total collections and core collection was accessed by the t test of diversity index, t test of average, F test of variance, average, range, coefficient of variation, phenotypic variance, phenotypic frequency variance, ratio of phenotype retained, changeable rate of coefficient of variation, coincidence rate of range and principal component analysis. The results showed that the selected core collection could represent the genetic diversity of total collections.

Keywords: *Cinnamomum camphora*; core collection; provenance; phenotype

樟树(*Cinnamomum camphora* (L.) Presl)是我国重要的经济、用材和绿化树种,主要分布在我国长江以南,朝鲜、越南、日本等东南亚地区亦有分布,其它各国引种栽培^[1]。中国古代人民在二、三千年前就有栽培樟树的记载,具有悠久的历史,并保存了大量的樟树资源。江西被誉为“樟木之乡”,是樟树的现代分布中心^[2-3]。江西境内保存的古樟林有300余处,安福县2株汉樟树龄已有2 000余年^[2,4]。然而,对这一古老珍贵树种种质资源的保存研究极为薄弱。2014年,江西省科学院生物资源研究所在江西、福建、湖南、湖北等10个省(市),共收集种质资源902份,播种后获得5万多株实生苗。如此庞大数量的种质资源为樟树遗传改良提供了丰富的材料,但营建种质资源库也耗费了大量的人力、物力和财力。因此,为提高遗传改良效率和减轻工作量,构建樟树核心种质的工作迫在眉睫。

核心种质的概念是澳大利亚学者 Frankel^[5]于1984年首次提出,Brown^[6]进一步将其完善,即用科学方法,选择最小的种质资源数量代表全部遗传资源的多样性。目前,核心种质库的构建主要基于2类数据,一是基于表型数据,如陆地棉^[7]、新疆野杏^[8]等;另一类是基于分子标记数据,如木荷^[9]、桃^[10]、核桃^[11]、斑茅^[12]等。Brown等^[6]提出先利用地理来源信息进行分组,然后通过表型性状等信息进行核心种质构建可取得较好效果。我国学者利用该方法已成功构建了小豆^[13]、尾叶桉^[14]等许多物种的核心种质。本研究根据樟树的地理种源和表型性状等数据,构建我国樟树的核心材料,并采用多样性指数 t 检验、均值 t 检验、方差 F 检验、均值、极差、变异系数、表型方差、表型频率方差、变异系数变化率、极差符合率等参数和主成分分析进行核心种质代表性检验和评价,为中国樟树种质资源的异地保存和利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

在完成中国樟树全分布区种质资源调查的基础上,2014年11月前后江西省科学院生物资源研究所在江西、福建、湖南、湖北等10个省(市)(表1,南部材料在江西易遭冻害未收集),共收集天然种质资源902份(株),每株采集种子200颗以上,每个种源20株左右。采种时,为最大限度的降低种质资源间的亲缘关系,单株间相距至少30 m以上。采回的种子去除果皮果肉、脱脂、洗净后晾干进行种子大小测量并沙藏。2015年初进行播种,采用完全随机区组设计,双行区,行长2 m,株距12 cm,平均行距20 cm,3次重复,人工点播,以常规方法进行田间管理。播种后获得5万多株实生苗。所有育苗工作均在位于南昌县黄马乡的江西省科学院生物资源研究所的植物良种繁育基地进行。成活苗数少于30株的家系,未用于核心种质库构建,所以本研究仅包含其中872份种质材料。

1.2 数据测量及标准化

种子大小和千粒质量的测量按照本实验室的方法进行^[15-16],每个单株随机取1 000粒种子,3次重复,求其平均值。苗高和地径性状的调查于2015年12月底进行,在各重复中每小区随机选30株,调查按常规方法进行。对这些数值性状进行10级分类,1级 $\leq X-2\sigma$,10级 $\geq X+2\sigma$,中间每级相差0.5 σ , X 为各性状平均值, σ 为标准差。以种源为单位分组,在分组的基础上,利用4个表型性状数据进行分析。

1.3 核心种质的构建

以县(市)即种源为单位分组,在分组的基础上,以25%比例,通过平方根比例抽样法确定每组取样份数(表2),即组内取样比例由整个组内资源份数的对数值占各组对数值之和的比例来决定。Brown认

为经对数处理的数据,可以较好地修正核心种质中遗传多样性的偏离^[6]。利用4个表型性状数据以欧式距离为遗传距离,最长距离法进行聚类。依据聚类结果,对每个种源利用优先取样法确定核心种质份数。

表 1 樟树采样种源的地理位置
Tab.1 Locations of the sampled populations of *Cinnamomum camphora*

种源 Provenance	经度(E) Longitude	纬度(N) Latitude	种源 Provenance	经度(E) Longitude	纬度(N) Latitude	种源 Provenance	经度(E) Longitude	纬度(N) Latitude
安庆 Anqing	117°01′	30°31′	安义 Anyi	115°37′	28°48′	铜鼓 Tonggu	114°20′	28°31′
莆田 Putian	118°45′	25°11′	大余 Dayu	114°26′	25°26′	万安 Wan'an	114°52′	26°33′
浦城 Pucheng	118°31′	27°55′	湖口 Hukou	116°12′	29°43′	婺源 Wuyuan	118°02′	29°22′
武夷山 Wuyishan	118°01′	27°44′	吉安 Ji'an	114°52′	27°00′	峡江 Xiajiang	115°20′	27°30′
乐昌 Lechang	113°21′	25°12′	吉水 Jishui	115°14′	27°26′	新干 Xin'gan	115°27′	27°48′
道真 Daozhen	107°43′	28°45′	靖安 Jing'an	115°15′	28°54′	永丰 Yongfeng	115°31′	27°09′
铜仁 Tongren	109°11′	27°43′	乐安 Le'an	115°42′	27°20′	永修 Yongxiu	115°35′	29°02′
赤壁 Chibi	113°49′	29°47′	宁都 Ningdu	115°51′	26°26′	泸州 Luzhou	105°26′	28°58′
红安 Hong'an	114°38′	31°29′	萍乡 Pingxiang	113°51′	27°36′	宜宾 Yibin	104°25′	28°25′
宜昌 Yichang	111°27′	30°39′	青原 Qingyuan	115°08′	27°04′	淳安 Chun'an	119°02′	29°36′
郴州 Chenzhou	112°59′	25°47′	全南 Quannan	114°32′	24°44′	庆元 Qingyuan	119°04′	27°36′
怀化 Huaihua	110°10′	28°00′	瑞金 Ruijin	115°36′	29°43′	象山 Xiangshan	121°54′	29°36′
双峰 Shuangfeng	112°11′	27°27′	瑞昌 Ruichang	115°67′	29°68′	大足 Dazu	105°39′	29°42′
长沙 Changsha	113°04′	28°12′	遂川 Suichuan	114°30′	26°18′	南山 Nanshan	106°36′	29°33′
安福 Anfu	114°34′	27°23′	泰和 Taihe	114°58′	26°48′	酉阳 Youyang	108°51′	28°43′

表 2 各种源种质资源份数以及各组取样份数
Tab.2 Accessions of different provenances in total and core collection

种源 Provenance	全部种质数目 Number of total collection	核心种质数目 Number of core collection	种源 Provenance	全部种质数目 Number of total collection	核心种质数目 Number of core collection	种源 Provenance	全部种质数目 Number of total collection	核心种质数目 Number of core collection
赤壁 Chibi	47	8	安福 Anfu	20	5	宜宾 Yibin	13	4
宜昌 Yichang	47	8	遂川 Suichuan	20	5	靖安 Jing'an	11	4
红安 Hong'an	46	8	泰和 Taihe	20	5	全南 Quannan	10	4
泸州 Luzhou	43	8	新干 Xin'gan	20	5	青原 Qingyuan	10	4
安庆 Anqing	37	7	宁都 Ningdu	18	5	永修 Yongxiu	10	4
象山 Xiangshan	36	7	吉水 Jishui	16	5	庆元 Qingyuan	10	4
婺源 Wuyuan	33	7	吉安 Ji'an	16	5	湖口 Hukou	9	3
长沙 Changsha	30	6	瑞金 Ruijin	15	4	瑞昌 Ruichang	9	3
双峰 Shuangfeng	29	6	永丰 Yongfeng	15	4	大足 Dazu	8	3
淳安 Chun'an	28	6	莆田 Putian	14	4	南山 Nanshan	8	3
浦城 Pucheng	28	6	乐安 Le'an	14	4	大余 Dayu	7	3
乐昌 Lechang	28	6	万安 Wan'an	14	4	铜鼓 Tonggu	7	3
郴州 Chenzhou	28	6	峡江 Xiajiang	14	4	酉阳 Youyang	5	3
怀化 Huaihua	26	6	武夷山 Wuyishan	12	4	萍乡 Pingxiang	5	3
铜仁 Tongren	20	5	安义 Anyi	13	4	道真 Daozhen	3	2

1.4 核心种质代表性检测

为了检验所构建核心种质是否有代表性。本研究选用遗传多样性指数 t 检验、均值(Mean)、标准差(Standard deviation,S)、极差(Range,R)、变异系数(Coefficient of variation,CV)、表型频率方差(Variance of phenotypic frequency,VPF)、表型方差(Variation of phenotypic value,VPV)、表型保留比例(Ratio of phenotype

retained,RPR)、变异系数变化率(Changeable rate of coefficient of variation,VR)和极差符合率(Coincidence rate of range,CR)等参数综合性评价核心种质的遗传多样性。采用Shannon’s信息指数(H')计算各性状的遗传多样性。以SPSS19.0统计分析软件进行聚类 and 主成分分析,其余计算均在 Excel 中完成。

2 结果与分析

2.1 多样性指数及其 t 检验

多样性指数可以代表群体内遗传变异的丰富程度,多样性指数越高,代表群体内遗传变异越丰富。全部种质与核心种质各种源的多样性指数见表 3 和表 4。从表 3 可以看出,全部种质的平均多样性指数为 2.075 6,其中湖北宜昌种源的多样性指数最高,为 2.772 9,重庆酉阳最低,仅为 1.166 0。核心种质的平均多样性指数为 1.641 7,最高的仍是湖北宜昌种源,为 2.241 6,最低的为江西大余种源,为 0.885 4。核心种质各种源的多样性指数平均值和变幅均低于全部种质,说明核心种质各种源内的遗传多样性减小。但表 4 结果表明,总体上核心种质地径、苗高、千粒质量和种子大小等 4 个表型性状平均遗传多样性指数分别为 2.968 3、2.948 1、2.935 7、2.867 7,略高于全部种质的 2.904 4、2.923 5、2.808 4、2.852 6, t 检验表明差异均不显著,说明核心种质在取样时,虽然各种源内遗传多样性变小,但有效降低了整体种质资源的遗传冗余度,群体的遗传变异得到很好的保持,所选核心种质较好的代表了全部种质。

表 3 全部种质与核心种质各种源遗传多样性指数

Tab.3 Index of genetic diversity in entire germplasm and core collection of different provenances								
种源 Provenance	全部种质 Total col- lection	核心种质 Core col- lection	种源 Provenance	全部种质 Total col- lection	核心种质 Core col- lection	种源 Provenance	全部种质 Total col- lection	核心种质 Core col- lection
安庆 Anqing	2.173 7	2.012 2	怀化 Huaihua	2.173 7	1.522 1	瑞金 Ruijin	2.029 5	1.750 0
大足 Dazu	1.898 0	1.418 3	乐昌 Lechang	2.491 7	1.907 3	遂川 Suichuan	1.852 5	1.821 9
南山 Nanshan	1.988 6	1.022 1	安福 Anfu	2.027 7	1.884 2	铜鼓 Tonggu	1.896 3	1.585 0
酉阳 Youyang	1.166 0	1.085 0	安义 Anyi	2.044 4	1.500 0	泰和 Taihe	1.788 5	1.508 7
浦城 Pucheng	2.231 6	1.740 6	大余 Dayu	1.454 7	0.855 4	万安 Wan'an	2.059 8	1.625 0
莆田 Putian	2.428 9	1.625 0	湖口 Hukou	2.107 0	1.418 3	婺源 Wuyuan	2.403 5	2.235 9
武夷山 Wuyishan	2.219 3	1.452 8	吉安 Ji'An	2.149 7	1.446 4	新干 Xin'gan	2.200 9	1.784 2
双峰 Shuangfeng	2.558 2	1.970 2	靖安 Jing'An	2.070 4	1.452 8	峡江 Xiajiang	2.175 2	1.500 0
道真 Daozhen	1.418 3	1.000 0	吉水 Jishui	2.057 2	1.446 4	永丰 Yongfeng	2.316 9	1.500 0
铜仁 Tongren	1.836 0	1.284 2	乐安 Le'an	1.825 0	1.875 0	永修 Yongxiu	1.756 8	1.155 6
赤壁 Chibi	2.541 4	2.187 5	宁都 Ningdu	1.930 0	1.308 7	泸州 Luzhou	2.467 9	2.030 6
红安 Hong'an	2.401 3	2.168 0	萍乡 Pingxiang	1.484 2	1.585 0	宜宾 Yibin	2.088 0	1.625 0
宜昌 Yichang	2.772 9	2.241 7	全南 Quannan	1.740 4	1.452 8	淳安 Chun'an	2.325 3	2.053 5
长沙 Changsha	2.261 5	1.886 8	青原 Qingyuan	2.265 3	1.500 0	庆元 Qingyuan	1.647 4	1.327 8
郴州 Chenzhou	2.392 5	2.001 6	瑞昌 Ruichang	2.205 9	1.585 0	象山 Xiangshan	2.076 5	1.539 1

表 4 全部种质与核心种质 4 个性状遗传多样性指数比较

Tab.4 Comparison of diversity indices for 4 traits between the entire and core collection			
性状 Trait	全部种质 Total collection	核心种质 Core collection	t 值 t value
GD/mm	2.904 4	2.968 3	0.198 5
SH/mm	2.923 5	2.948 1	0.079 6
SZ/mm ²	2.852 6	2.867 7	-0.009 5
TGW/g	2.808 4	2.935 7	-0.039 3

GD:地径,SH:苗高,SZ:种子大小,TGW:千粒质量
 $t_{0.05}$ =1.962 1,*和**分别表示 0.05、0.01 水平有显著差异,下同
GD:Ground diameter,SH:Seedling height,SZ:Seed size,TGW:thousand seed weight
 $t_{0.05}$ =1.962 1,* and**represent significant difference at 0.05 and 0.01 level respectively,the same as below

2.2 变异系数、极差、均值*t*检验及*F*检验分析

均值*t*检验可以检验原始种质和核心种质表型性状均值间是否有显著性差异,而方差*F*检验可以分析两者表型性状变异是否同质,极差和变异系数可以代表性状离散程度的大小。全部种质和核心种质的均值*t*检验、方差*F*检验、极差及变异系数见表5。由结果可以看出,在全部种质中,4个表型性状的变异系数分别为22.88%、22.15%、21.70%和26.14%,均大于20%,说明该种质群体遗传变异水平丰富,遗传多样性分布较广,适合于构建核心种质。构建的核心种质4个表型性状的标准差和变异系数均明显高于全部种质,表明构建的核心种质具有良好的异质性,且所选核心种质能够代表全部种质。全部种质地径、苗高、种子大小和千粒质量等4个性状平均值分别为13.93 mm、616 mm、121.62 mm²、28.37 g,而核心种质4个性状平均值分别为14.47 mm、608 mm、125.18 mm²、29.79 g,*t*检验表明4个表型性状均值间均没有显著差异,说明大部分性状的极值材料都被保存在了核心种质中。经*F*测验,4个表型性状的方差均显著高于全部种质,表明核心种质获得了更大的遗传变异。

表5 全部种质与核心种质平均值、标准差、极差和变异系数的比较
Tab.5 Comparison of mean,standard deviation,range and variation coefficient in entire camphor and its core collection

性状 Trait	全部种质 Total collection				核心种质 Core collection				<i>t</i> 值 <i>t</i> value	<i>F</i> 值 <i>F</i> value
	平均值 Mean	标准差 Standard deviation	极差 Range	变异系数/% Variation coefficient	平均值 Mean	标准差 Standard deviation	极差 Range	变异系数/% Variation coefficient		
GD/mm	13.93	3.19	27.16	22.88	14.47	4.40	27.16	30.42	-1.897	0.581**
SH/mm	616	136	970	22.15	608	182	970	29.95	0.622	0.61**
SZ/mm ²	121.62	26.39	179.52	21.70	125.18	34.58	179.52	27.63	-1.971	0.574**
TGW/g	28.37	7.42	63.37	26.14	29.79	9.04	56.51	30.34	-1.428	0.797*

2.3 表型频率方差、表型方差、表型保留比例、变异系数变化率和极差符合率分析

表型频率方差(*VPF*)和表型方差(*VPV*)都用于群体均度的估计。*VPF*越小,代表构建的核心种质各性状分布越均匀;与*VPF*相反,*VPV*越大,表明所得核心种质中各性状的遗传冗余度越小。从表6结果看出,全部种质和核心种质的*VPF*分别为0.005 744和0.005 351,*VPV*分别为0.998 792、1.001 148,核心种质的*VPF*小于全部种质,*VPV*大于全部种质,说明构建的核心种质中各性状分布更均匀、遗传冗余度小。

表型保留比例(*RPR*)用于计算核心种质中所保留表型值的数量占全部种质中表型总量的比例,*RPR*越大,表明核心种质所保留变异越丰富,丢失的性状越少。变异系数变化率(*VR*)和极差符合率(*CR*)分别反映的是两群体间变异的差异程度和核心种质保留原有群体遗传多样性的程度。Hu等^[17]认为当*CR*≥80%,并且*VR*和*CR*越大,可以认为该核心种质越能代表初始种质的遗传多样性。从表6可以看出,本研究构建的核心种质*RPR*为97.5%,表明所构建的核心种质保留了大部分的原种质遗传变异;核心种质*VR*(127.90%)明显高于全部种质,*CR*为97.29%,高于80 %的评价标准,说明核心种质表型性状各性状的分布均匀、重复材料少。因此,可以认为,本研究构建的樟树核心种质能够代表原种质资源群体的遗传多样性。

表6 全部种质与核心种质表型频率方差、表型方差、表型保留比例、变异系数变化率和极差符合率比较
Tab.6 Comparison of *VPF*,*VPV*,*RPR*,*VR* and *CR* between total collection and core collection

类别 Category	表型频率方差 <i>VPF</i>	表型方差 <i>VPV</i>	表型保留比例/% <i>RPR</i>	变异系数变化率/% <i>VR</i>	极差符合率/% <i>CR</i>
全部种质 Total collection	0.005 744	0.998 792	100	100	100
核心种质 Core collection	0.005 351	1.001 148	97.5	127.90	97.29

2.4 主成分分析

主成分分析(PCA)中的空间分布能够近似地反映原种质和核心种质群体之间的相似程度。对本研究构建的樟树核心种质和全部种质的主成分分析的结果表明(表 7),两者的特征值、贡献率及累计贡献率非常相似。以特征值大于 1 为标准,核心种质和全部种质的第一个主成分的特征值分别为 1.703 和 1.616,贡献率分别为 42.583% 和 40.395%,第二个主成分的特征值分别为 1.339 和 1.214,前 2 个主成分的累计贡献率分别是 76.049% 和 70.755%。构建的核心种质第一和第二主成分特征值和累计贡献率均略大于全部种质。因此,本研究构建的核心种质能够有效地排除遗传冗余,提高全部种质群体的累计贡献率。

表 7 全部种质和核心种质的特征值和累计贡献率

Tab.7 Eigenvalues and cumulative contribution for the total collection and the core collection						
主成分 Component	全部种质 Total collection			核心种质 Core collection		
	特征值 Eigenvalues	贡献率/% Contributive rate	累计贡献率/% Cumulative contributive rate	特征值 Eigenvalues	贡献率/% Contributive rate	累计贡献率/% Cumulative contributive rate
1	1.616	40.395	40.395	1.703	42.583	42.583
2	1.214	30.360	70.755	1.339	33.466	76.049
3	0.657	16.424	87.179	0.540	13.497	89.546
4	0.513	12.821	100.000	0.418	10.454	100.000

3 结论与讨论

3.1 樟树核心种质构建的材料基础

我国现有林木种质资源 10 多万份,其中濒危物种数占 17%、约有 90% 林木物种的种内出现濒危群体,因此,亟需对林木种质资源进行收集保存^[18]。但如此庞大的数量,加上林木周期长、个体大等特点,给林木种质资源的收集、保存带来了巨大困难。樟树分布广、数量多,收集费工费时,故现有研究在资源的收集上均存在不同程度的缺憾。如 1998 年,中国林科院亚热带林业研究所收集了我国樟树全自然分布区内 15 个省区 47 个种源,但此次收集主要以种源层次为主,家系层次较少^[19],而核心种质的构建必须以家系为基础;广东省林业科学研究院^[20]、福建师范大学^[21-22]、浙江淳安林业局^[23]等单位分别针对广东省、福建省境内局部种源进行了收集;江西农业大学和南昌工程学院以家系为基础,共收集了 41 个种源 164 个家系,但家系数目偏少^[24]。因此,顾万春^[18]提出,以树种的地理分布为基础,按物种的遗传多样性水平系统设置种质资源样本容量,以最少的遗传重复最大限度地保存遗传多样性。同时进行实用技术研究,有利于种质材料的优化保存及子代繁殖材料可持续利用。本研究收集了中国樟树全自然分布区内(南部种质在江西易遭冻害未收集)有代表性的 45 个种源、902 个家系,且胸径大多在 50 cm 以上,并顾及了树体高大的个体,具备了构建核心种质的材料基础。

3.2 樟树核心种质的构建

目前,林木核心种质构建主要基于表型性状和分子标记 2 类数据进行,其中利用表型数据构建核心种质具有时间短、费用低和简便等优点^[7],因此本核心种质的构建主要利用形态学上的信息。此外,由于地理种源能够为生物遗传多样性提供间接根据,联合利用体现多样性水平的地理分布和表型数据能极大地提高核心种质取样效率^[14]。赵冰等^[25]按照地理种源将中国全分布区内收集的 456 份腊梅种质资源分为 13 组,初选出 163 份核心种质。多样性指数 t 检验表明核心种质与全部种质 9 个表型性状间均不显著,且 9 个性状的均值符合率和平均标准差符合率分别为 97.71% 和 96.27%,构建的中国腊梅核心种质能够较好的代表原种质群体。刘德浩等^[14]按照地理种源将 194 个尾叶桉家系分为 27 组,从 1.8 万多株原始群体中构建了由 25 个种源 100 个家系 188 个单株组成的尾叶桉二级核心种质,其各表型性状遗传特性

与原始群体具有较好的一致性。本研究基于地理种源将872份种质分为45组,结合种子和苗期表型性状构建了樟树核心种质217份。值得指出的是,种子性状和苗期性状还有很多,如饱满度、发芽率、根系、分枝数、物候和生长节律等,均与遗传本质有一定的关系,本研究只是选用了4个最关键的性状进行研究。同时,苗期生长量性状与成龄期可能会不完全一致,且成林期还有生殖、材性等更多代表遗传多样性的性状。此外,分子标记在揭示遗传多样性方面具有更好的准确性。因此,今后需用林期更多的性状结合分子性状对构建的核心种质做进一步验证和完善。

3.3 樟树核心种质的评价与确认

构建核心种质的基本要求就是用尽可能小的群体代表尽可能大的遗传多样性。因此,构建的核心种质在确认实用性之前首先要对其代表性进行评价。Hu等^[17]、徐海明等^[26]认为通过均值、极差、表型方差、变异系数等参数可以对核心种质的代表性进行评价,如果核心种质与全部种质的均值 t 测验差异不显著,方差 F 测验差异显著,同时 CR 大于80%,并且 VR 和 CR 越大,可认为核心种质能够代表全部种质群体的遗传多样性。代攀虹等^[7]还利用多样性指数 t 检验和主成分分析等参数对构建的陆地棉核心种质代表性进行评价,认为当遗传多样性指数在性状间差异不显著,特征值、贡献率及累计贡献率差异不显著时,说明构建的核心种质可以代表全部种质。张洪亮等^[27]利用从50 526份中国地方稻种质资源构建的24个核心种质为研究对象,选用26个农艺、形态及分类性状,对核心种质代表性的检验参数进行了比较研究。结果认为 H' 、 VPV 、 VPF 及 CV 为检验核心种质优劣的有效参数;而 RPR 为确定取样比例及检验核心种质最终有效性的必不可少的参数。本研究通过多样性指数 t 检验、均值 t 检验、方差 F 检验、均值、极差、变异系数、表型方差、表型频率方差、表型保留比例、变异系数变化率和极差符合率等11个参数作为评价指标,结果表明,该核心种质表型保留比例为97.5%,均值和遗传多样性指数 t 检验均不显著, F 方差和变异系数均高于原种质,可以代表全部种质的遗传多样性。主成分分析进一步对构建的核心种质进行了确认,前2个主成分的累计贡献率达到76.049%,有效保存了原种质的遗传多样性和遗传结构,并减少了遗传冗余度,与新疆野苹果^[28]、灰楸^[29]和葡萄^[30]等核心种质构建的效果相当。

致谢:湖北省林业厅、咸宁市林业局、红安县林业局、赤壁市林业局及宜昌市林业局,贵州省林业厅及道真仡佬族苗族自治县林业局,四川省宜宾市林科院及四川理工学院,重庆市酉阳土家族苗族自治县青华林场、大足县西山林场及南山植物园,湖南省怀化市林业局及浏阳市林业局推广站,安徽省安庆市林业局,广东省韶关市林业局,福建省武夷山国家级自然保护区管理局及蒲城县林业局,浙江省庆元县实验林场,江西省新干县林业局、泰和县林业局、吉安县林业局、吉水县林业局、峡江县林业局、泰和县林业局推广站、万安县林业局、永丰县林业局、永丰县林业局沙溪林场、乐安县林业局、瑞金市林业局、婺源县林业局、宁都县林业局,以及其他未能一一列出等单位的领导、老师和同行朋友在种质资源的调查及收集过程中给予了无私帮助,谨致谢意!

参考文献:

- [1] 戴宝合.野生植物资源学[M].北京:北京农业出版社,1993:248-251.
Dai B H. Wild plant resource science [M]. Beijing: Beijing Agriculture Press, 1993: 248-251.
- [2] 黎祖尧,陈尚铨.江西樟树[M].南昌:江西科学技术出版社,2015.
Li Z Y, Chen S X. Jiangxi camphor trees [M]. Nanchang: Jiangxi Science and Technology Press, 2015.
- [3] 钟永达,胡晓健,余发新.香樟的分子生物学研究进展[J].江西科学,2015,33(2):184-187.
Zhong Y D, Hu X J, Yu F X. Molecular biology applied in *Cinnamomum camphora* [J]. Jiangxi Science, 2015, 33 (2) : 184-187.
- [4] Zhou Y, Yan W. Conservation and applications of camphor tree (*Cinnamomum camphora*) in China: ethnobotany and genetic resources [J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2015, 63(6): 1049-1061.
- [5] Frankle O H. Genetic perspectives of germplasm conservation [M]. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1984: 161-170.
- [6] Brown A H D. Core collections: a practical approach to genetic resources management [J]. Genome, 1989, 31(2): 818-824.
- [7] 代攀虹,孙君灵,贾银华,等.利用表型数据构建陆地棉核心种质[J].植物遗传资源学报,2016,17(6):961-968.
Dai P H, Sun J L, Jia Y H, et al. Construction of core collection of upland cotton based on phenotypic data [J]. Journal of

- Plant Genetic Resources, 2016, 17(6):961-968.
- [8] 刘娟, 廖康, 曹倩, 等. 利用表型性状构建新疆野杏种质资源核心种质[J]. 果树学报, 2015, 32(5):787-796.
Liu J, Liao K, Cao Q, et al. Establishment of wild apricot core collection based on phenotypic characters[J]. Journal of Fruit Science, 2015, 32(5):787-796.
- [9] 杨汉波, 张蕊, 王帮顺, 等. 基于SSR标记的木荷核心种质构建[J]. 林业科学, 2017, 53(6):37-46.
Yang H B, Zhang R, Wang B S, et al. Construction of core collection of schima superba based on ssr molecular markers[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2017, 53(6):37-46.
- [10] De Cristo-Araujo M, Rodrigues D P, Astolfi S, et al. Peach palm core collection in Brazilian amazonia[J]. Crop Breeding & Applied Biotechnology, 2015, 15(1):18-25.
- [11] 王红霞, 赵书岗, 高仪, 等. 基于AFLP分子标记的核桃核心种质的构建[J]. 中国农业科学, 2013, 46(23):4985-4995.
Wang H X, Zhao S G, Gao Y, et al. A construction of the core collection of *Juglans regia* L. based on AFLP molecular markers[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2013, 46(23):4985-4995.
- [12] 毛钧, 刘新龙, 苏火生, 等. 基于表型与分子数据的斑茅核心种质构建[J]. 植物遗传资源学报, 2016, 17(4):607-615.
Mao J, Liu X L, Su H S, et al. Constructing core collection of *Saccharum arundinaceum* L. based on phenotype and molecular markers, Zhiwu Ziyuan Xuebao[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2016, 17(4):607-615.
- [13] 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.
Xu N, Chen X Z, Wang S H, et al. Establishment of an adzuki bean (*Vigna angularis*) core collection based on geographical distribution and phenotypic data in China[J]. Acta Agronomica Sinica, 2008, 34(8):1366-1373.
- [14] 刘德浩, 张方秋, 张卫华. 基于地理种源分组和表型数据构建尾叶桉核心种质[J]. 西南林业大学学报, 2013, 33(5):1-8.
Liu D H, Zhang F Q, Zhang W H, et al. Establishment of *eucalyptus urophylla* core collection based on geographical distribution and phenotypic data[J]. Journal of Southwest Forestry University, 2013, 33(5):1-8.
- [15] 钟永达, 李彦强, 刘立盘, 等. 基于扫描仪和ImageJ软件的香樟种子大小的测量及其应用[J]. 西南林业大学学报, 2017, 37(6):48-53.
Zhong Y D, Li Y Q, Liu L P, et al. Application of scanner and ImageJ analysis software in measuring seed size of *Cinnamomum camphora*[J]. Journal of Southwest Forestry University, 2017, 37(6):48-53.
- [16] 钟永达, 周燕玲, 李彦强, 等. 基于ImageJ软件的香樟千粒重的测量及其应用[J]. 安徽农学通报, 2018, 24(10):82-85.
Zhong Y D, Zhou Y L, Li Y Q, et al. Application of ImageJ analysis software in measuring 1000-seed weight of *Cinnamomum camphora*[J]. Anhui Agricultural Science Bulletin, 2018, 24(10):82-85.
- [17] 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(1-2):264-268.
- [18] 顾万春. 中国林木种质资源保存、研究与对策[C]. 全国生物多样性保护与持续利用研讨会, 2002.
Gu W C. The present situation and strategy of forest tree germplasm resources conservation and research in China[C]. National Symposium on Biodiversity Conservation and Sustainable Use, 2002.
- [19] 姚小华. 樟树遗传变异与选择的研究[D]. 长沙: 中南林学院, 2002.
Yao X H. Study on genetic variation and selection of *Cinnamomum camphora*[D]. Changsha: Central-South Forestry University, 2002.
- [20] 蔡燕灵, 曾令海, 连辉明, 等. 樟树局部种源早期选择研究[J]. 广东林业科技, 2013, 29(3):7-12.
Cai Y L, Zeng L H, Lian H M, et al. Early selection of local provenance of *Cinnamomum camphora* in Guangdong province[J]. Guangdong Forestry Science and Technology, 2013, 29(3):7-12.
- [21] 邹智谨. 香樟不同家系生长特性与初步选择的研究[D]. 福州: 福建农林大学, 2016.
Zhou Z J. The research of camphor's different family growth characteristics and seeds selection[D]. Fuzhou: Fujian Agriculture and Forestry University, 2016.
- [22] 许敏铭. 香樟遗传变异与良种选择研究[D]. 福州: 福建农林大学, 2015.
Xu M M. The research of camphor's genetic variation and seeds selection[D]. Fuzhou: Fujian Agriculture and Forestry University, 2015.

- [23] 王年金,张盛剿,钱小娟,等.樟树地理种源幼林期生长性状差异分析及优良种源初步选择[J].浙江林业科技,2009,29(4):69-72.
- Wang N J, Zhang S C, Qian X J, et al. Analysis on growth traits of young *Cinnamomum camphora* with different provenances and optimal selection[J]. Journal of Zhejiang Forestry Science and Technology, 2009, 29(4): 69-72.
- [24] 李芳,金志农,黎祖尧,等.樟树种子性状及对生境因子的响应[J].江西农业大学学报,2017,39(1):92-100.
- Li F, Jin Z N, Li Z R, et al. Seeds properties of *Cinnamomum camphora* and their response towards environmental factors[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis, 2017, 39(1): 92-100.
- [25] 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(S1):16-21.
- Zhao B, Zhang Q Q. Preliminary construction of the core germplasm of *Chimonanthus praecox* in China[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2007, 29(S1): 16-21.
- [26] 徐海明,邱英雄,胡晋,等.不同遗传距离聚类 and 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.
- Xu H M, Qiu Y X, Hu J, et al. Methods of constructing core collection of crop germplasm by comparing different genetic distances, cluster methods and sampling strategies[J]. Acta Agronomica Sinica, 2004, 30(9): 932-936.
- [27] 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(2):252-257.
- Zhang H L, Li Z C, Cao Y S, et al. Comparison of parameters for testing the rice core collection in phenotype[J]. Acta Agronomica Sinica, 2003, 29(2): 252-257.
- [28] 刘遵春,刘大亮,崔美,等.整合农艺性状和分子标记数据构建新疆野苹果核心种质[J].园艺学报,2012,39(6):1045-1054.
- Liu Z C, Liu D L, Cui M, et al. Combining agronomic traits and molecular marker data for constructing *Malus sieversii* core collection [J]. Acta Horticulturae Sinica, 2012, 39(6): 1045-1054.
- [29] 李秀兰,贾继文,王军辉,等.灰楸形态多样性分析及核心种质初步构建[J].植物遗传资源学报,2013(2),14:243-248.
- Liu X L, Jia J W, Wang J H, et al. Morphological diversity analysis and preliminary construction of core collection of *Catalpa fargesii* bureau[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2013, 14(2): 243-248.
- [30] 刘鑫铭,刘崇怀,樊秀彩,等.葡萄种质资源初级核心群的构建[J].植物遗传资源学报,2012,13(1):72-76.
- Liu X M, Liu C H, Fan X C, et al. Construction of primary core collection of grape genetic resources[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2012, 13(1): 72-76.