

陈建华, 曲凯伦, 张云程, 等. 基于表型性状的酸枣核心种质构建[J]. 沈阳农业大学学报, 2024, 55(2): 176–186.

CHEN Jianhua, QU Kailun, ZHANG Yuncheng, et al. Construction of *Ziziphus jujuba* var. *spinosa* core collection based on phenotypic traits[J]. Journal of Shenyang Agricultural University, 2024, 55(2): 176–186.

基于表型性状的酸枣核心种质构建

陈建华¹, 曲凯伦¹, 张云程², 孙永强¹, 李彪¹, 康莹¹, 董胜君¹

(1. 沈阳农业大学 林学院, 沈阳 110161; 2. 喀左县林业和草原局, 辽宁 喀左 122300)

摘要: 为更好地保存和研究酸枣种质, 提高利用效率, 以 211 份酸枣种质为试材, 基于表型性状数据, 在 25% 取样比例下, 对所有种质进行逐步系统聚类, 从遗传距离方法、取样方法、聚类方法和取样比例 4 个方面探讨酸枣核心种质的最佳取样策略。根据最佳取样策略和 3 种分组取样方法进行分组取样, 并与不分组取样进行比较。结果表明: 基于 25% 取样比例, 采用优先取样法、欧氏距离法和可变类平均法构建核心种质效果最佳; 在最佳构建策略下筛选总体取样比例, 结果表明最佳总体取样比例为 25%; 不分组取样构建的核心种质 P_{core} 的方差差异百分率 (VD)、变异系数变化率 (VR) 和极差符合率 (CR) 高于分组取样构建的核心种质 Core-L, 构建效果更好; 定性描述性状保留比例、t 检验、符合率检验、主成分分析和样品三维分布图表明构建的核心种质能够消除遗传冗余, 能够代表原始种质。基于表型性状筛选出的最佳构建策略为“欧氏距离+可变类平均法+优先取样法+25% 取样比例”, 经过补充完善, 最终得到 58 份核心种质, 具有较高的代表性。本研究成功构建了能够代表原始酸枣种质表型遗传多样性的核心种质, 有助于科学、有效地收集和保存酸枣种质资源, 为深入挖掘和利用酸枣种质资源提供了科学依据, 同时也为选育酸枣良种奠定基础。

关键词: 酸枣; 核心种质; 表型性状; 取样策略

中图分类号: S722.8

文章编号: 1000-1700(2024)02-0176-11

文献标识码: A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



Construction of *Ziziphus jujuba* var. *spinosa* Core Collection Based on Phenotypic Traits

CHEN Jianhua¹, QU Kailun¹, ZHANG Yuncheng², SUN Yongqiang¹,

LI Biao¹, KANG Ying¹, DONG Shengjun^{1*}

(1. College of Forestry, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110161, China;

2. Forestry and grassland Bureau of Kazuo County, Kazuo Liaoning 122300, China)

Abstract: In order to better preserve and study the germplasm of *Ziziphus jujuba* var. *spinosa* and improve the utilization efficiency, 211 *Z. jujuba* var. *spinosa* germplasms were used as test materials in this study. Based on the phenotypic trait data, all germplasms were systematically clustered step by step at 25% sampling ratio. The best sampling strategy of *Z. jujuba* var. *spinosa* core collection was discussed from four aspects: genetic distance method, sampling method, clustering method and sampling ratio. According to the best sampling strategy and three grouping sampling methods, grouping sampling was carried out and compared with non-grouping sampling. The results showed that: Based on the 25% sampling ratio, the core collection constructed by the priority sampling method, Euclidean distance and variable class average method was the best. The overall sampling ratio was screened under the optimal construction strategy, and the results showed that the optimal overall sampling ratio was 25%. The variance difference percentage (VD), change rate of variation coefficient

收稿日期: 2023-12-10

基金项目: 沈阳农业大学酸枣国家林木种质资源库补助项目 (GLC-SN-2023-1011)

第一作者: 陈建华(1992-), 女, 博士, 讲师, 从事经济林产量及品质形成与调控研究, E-mail: h910ing@163.com

通信作者: 董胜君(1974-), 男, 博士, 教授, 博士生导师, 从事经济林良种选育及高效栽培研究, E-mail: dsj928@163.com

(VR) and range compliance rate (CR) of the core collection Pcore constructed by non-group sampling were higher than those of the core collection Core-L constructed by group sampling, and the construction effect was better. Qualitative description of trait retention ratio, t-test, coincidence rate test, principal component analysis and three-dimensional distribution of samples showed that the constructed core collections could eliminate genetic redundancy and represent the initial collection. The best construction strategy based on phenotypic traits was 'Euclidean distance + variable class average method + priority sampling method + 25% sampling ratio'. After supplement and improvement, 58 core collections were finally obtained, which were highly representative. This study successfully established the core collection that represented the phenotypic genetic diversity of initial *Z. jujuba* var. *spinosa* germplasm. This achievement contributes to scientific and effective collection and preservation of *Z. jujuba* var. *spinosa* germplasm resources, providing a scientific basis for exploring and utilizing *Z. jujuba* var. *spinosa* germplasm resources. Simultaneously, it lays the foundation for breeding *Z. jujuba* var. *spinosa* cultivar.

Key words: *Ziziphus jujuba* var. *spinosa*; core collection; phenotypic traits; sampling strategy

酸枣(*Ziziphus jujuba* var. *spinosa*)又称山枣,鼠李科(Rhamnaceae)枣属(*Zizyphus* Mill.)植物,原产于中国^[1],分布较为广泛,在我国温带地区均有分布。研究表明酸枣叶具有多种保健功能^[2],酸枣仁具有安神、抗焦虑、改善记忆、抗抑郁的作用^[3],果肉中含有大量营养元素,可生食也可制作成饮料^[4],因此,酸枣产业具有很好的发展前景。随着酸枣种质调查与收集工作的持续开展,酸枣种质数量变得越来越多,种质资源的保存、管理成本大大增加,为解决这一问题,提高资源利用效率,推动种质资源评价、研究,构建酸枣核心种质资源库变得尤为重要。

核心种质是用少量的种质最大程度代表原始种质的遗传多样性、结构和群体的地理分布,这个概念由学者FRANKEL^[5]于1984年提出,BROWN等^[6]于1989年将这一概念完善,现如今,核心种质已被广泛应用到农作物和木本植物的种质资源管理、保存和研究等领域,但关于林木植物核心种质资源库构建的研究起步较晚。构建核心种质数据主要基于2类,一类是表型数据,一类是分子标记数据,如魏志刚等^[7]以240个白桦家系的胸径、树高数据为依据筛选出24份核心种质;LI等^[8]以232份红锥的15个表型性状数据为依据,构建157份核心种质;XU等^[9]利用24个SSR标记对962份红枣种质构建核心种质,最终筛选出150份种质,保留99.5%以上的等位基因;李洪果^[10]以887份杜仲种质的27个表型性状和SSR分子标记数据为依据,构建245份核心种质。近几年,我国学者基于表型性状成功构建格木^[11]、西伯利亚杏^[12]、核桃^[13]、水青树^[14]、樟树^[15]、美洲黑杨^[16]、刺槐^[17]等林木核心种质,为林木种质资源的收集、保存和研究奠定基础,目前有关酸枣核心种质构建的报道较少,基于多种源筛选酸枣核心种质最佳取样比例、聚类方法、遗传距离的研究未见报道。本研究以211份酸枣种质的29个定量描述性状和13个定性描述性状数据为依据,首次提出酸枣核心种质的最佳构建策略,并比较分组取样和不分组取样的优劣,构建最优核心种质,以期酸枣种质资源的收集、保存和利用提供理论依据,为酸枣的良种选育奠定基础。

1 材料与方 法

1.1 材 料

试验材料来自沈阳农业大学酸枣国家林木种质资源库收集的211份酸枣种质资源(表1),种源地包括6个省19个县,试验采用完全随机区组设计,设置3个小区,每个小区栽植10株,每份种质共30株,树龄5~6年,南北行向种植,株行距2 m×3 m,均采用常规管理措施,及时浇水、施肥。选择生长正常、结果量多、无明显病虫害的酸枣作为调查样木,调查枝、刺、叶、果实表型性状,每个样木采集30个大小基本一致、饱满的果实带回实验室,晾干至恒质量后进行果核、果仁表型性状测量。

1.2 表型性状观测方法

本研究于2020~2021年对酸枣种质资源表型性状进行调查,选择29个定量描述性状和13个定性描述性状参考《枣种质资源描述规范》进行观测,定量描述性状调查如下。

枝刺性状:选择树冠中下部9个健壮二次枝,测量二次枝长度、二次枝节数,选择树冠不同方位多

表1 供试酸枣种质来源及取样情况

Table 1 The source and sampling of the tested *Ziziphus jujuba* var. *spinosa* germplasm

种源地 Provenance	样本数 Sample number	种质编号 Germplasm number
辽宁喀左 Kazuo, Liaoning	40	3, 14, 15, 16, 21, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 30, 31, 32, 33, 34, 36, 38, 41, 42, 43, 45, 61, 73, 74, 75, 77, 78, 79, 80, 81, 84, 85, 86, 87, 88, 112, 113, 114, 115
辽宁建平 Jianping, Liaoning	3	153, 154, 155
山西夏县 Xiaxian, Shanxi	6	530, 531, 532, 533, 534, 535
山西平陆 Pinglu, Shanxi	11	550, 551, 552, 553, 554, 555, 556, 557, 558, 560, 561
陕西佳县 Jiashan, Shaanxi	13	600, 601, 602, 603, 604, 605, 606, 607, 608, 610, 611, 612, 613
陕西绥德 Suide, Shaanxi	9	620, 621, 622, 623, 624, 625, 626, 627, 628
陕西延川 Yanchuan, Shaanxi	19	630, 631, 632, 633, 634, 635, 636, 637, 638, 639, 640, 641, 642, 643, 644, 645, 646, 647, 648
陕西宜川 Yichuan, Shaanxi	5	650, 651, 652, 653, 654
河北复兴 Fuxing, Hebei	12	700, 701, 702, 703, 704, 705, 706, 707, 708, 709, 710, 711
河北武安 Wuan, Hebei	4	720, 721, 722, 723
河北信都 Xindou, Hebei	14	730, 731, 732, 733, 734, 735, 736, 737, 738, 739, 740, 741, 742, 743
河北内丘 Neiqiu, Hebei	4	750, 751, 752, 753
河北临城 Lincheng, Hebei	3	770, 771, 772
河北赞皇 Zanhuang, Hebei	16	780, 781, 782, 783, 784, 785, 786, 787, 788, 789, 790, 791, 792, 793, 794, 795
河北元氏 Yuanshi, Hebei	9	800, 801, 802, 803, 804, 805, 806, 807, 808
河北阜平 Fuping, Hebei	4	820, 821, 822, 823
河北顺平 Shunping, Hebei	12	830, 831, 832, 833, 834, 835, 836, 837, 838, 839, 840, 841
山东长清 Changqing, Shandong	12	850, 851, 852, 853, 854, 856, 857, 858, 859, 860, 861, 862
内蒙古元宝山 Yuanbaoshan, Inner Mongolia	15	900, 901, 902, 903, 904, 905, 906, 907, 909, 910, 911, 912, 913, 914, 915

年生枣股上生长健壮的9个枣吊,测量枣吊长度、枣吊叶片数。选择树冠中下部健壮二次枝1~5节上的9个直刺、弯刺进行测量。

叶片性状:选择枣吊中部成熟的9片叶片,测量叶片长度、叶片宽度、叶柄长度和叶柄宽度。

果实、果核、果仁性状:于每年9月果实脆熟期采集30个大小基本一致、饱满的全红果实,选择9个全红果,测量单果质量、果实横径、果实纵径、单核质量、果核横径、果核纵径、单仁质量、果仁横径、果仁纵径和果仁侧径。计算叶形指数、果形指数、可食率、核形指数、出核率、仁形指数、出仁率、双仁

率,每株样木各定量描述性状9次重复。

1.3 核心种质的构建策略

1.3.1 不分组取样 基于25%取样比例,筛选2种遗传距离计算方法(欧氏距离、马氏距离)、3种取样方法(随机取样法、优先取样法和偏离度取样法)、7种聚类方法(不加权类平均法、可变法、最短距离法、最长距离法、中间距离法、离差平方和法和可变类平均法)^[18-20]。在最佳构建策略的基础上,设定10%、15%、20%、25%、30%、35%、40%共7个取样比例构建核心种质,筛选最佳取样比例。

1.3.2 分组取样 按种源为分组单位将酸枣分为19组,基于最佳取样比例和构建策略,选择简单比例法(P)、对数比例法(L)和遗传多样性法(G)进行组内取样比例筛选^[21],3种组内取样方法参照刘娟^[22]的计算方法。

1.4 核心种质的评价

采用均值差异百分率(MD)、方差差异百分率(VD)、极差符合率(CR)、变异系数变化率(VR)、表型保留比例(RPR)和表型多样性指数(H')评价核心种质代表性^[18,20,23]。采用定性描述性状保留比例、表型性状基础特征值、t检验、符合率评价核心种质的有效性和代表性,使用主成分分析和样品分布图进行确认。

1.5 数据分析方法

利用SPSS 20.0进行聚类分析、t检验和主成分分析,生成样品分布图,使用Excel 2010计算平均值、极差、最大值、最小值、变异系数、多样性指数,多样性指数计算方法参照李洪果等^[24]的方法,计算MD、VD、CR、VR、RPR和H'6个评价参数^[22]。

2 结果与分析

2.1 酸枣核心种质构建策略的筛选

在25%取样比例下抽取构建42个核心种质(表2),根据6个核心种质评价参数,对不同取样方法、遗传距离计算方法、聚类方法进行比较。根据有效核心种质需满足MD小于20%,且CR>80%的原则,构建的42个核心种质均有效。在相同聚类方法下,随机取样法构建的核心种质VD最小,优先取样法构建的核心种质VD、CR、VR最大,构建的核心种质代表性好,因此优先取样法可作为最优取样方法。

基于25%取样比例和优先取样方法,在相同聚类方法下,采用欧氏距离构建的核心种质MD均高于马氏距离,欧氏距离构建的核心种质RPR、H'、VD、VR普遍高于马氏距离,由此可见,欧氏距离构建效果最佳。

在25%的取样比例和优先取样法下,基于欧氏距离和7种聚类方法构建的核心种质RPR均在92%以上,VR和CR均大于80%,MD均为0。比较不同聚类方法构建的核心种质评价参数发现,可变类平均法构建的核心种质D1S2C7具有最高的VD和VR,说明通过可变类平均法构建的核心种质代表性最强。

2.2 酸枣核心种质构建取样比例的确定

由表3可知,7个核心种质MD均小于20%,CR大于80%,说明构建的7个核心种质均有效。取样比例30%、35%和40%构建的核心种质VD小于40%,VR小于120%,代表性较低。而取样比例10%、15%、20%和25%构建的核心种质VD均大于50%,其中取样比例为25%构建的核心种质VD和CR最大,分别为58.62%和100%,因此选择25%作为构建酸枣核心种质的最佳取样比例。

2.3 酸枣核心种质构建分组与不分组取样比较

由表4可知,Core-P、Core-L、Core-G均满足MD小于20%,CR大于80%的要求,表明3个核心种质均有效,其中MD均为0,CR和RPR相差不大,Core-L的VD、VR、H'最高,构建效果最优。不分组取样构建的核心种质D1S2C7的VD、VR、CR大于Core-L。根据材料分组取样较不分组取样会遗漏更多的表现型,仍采用整体取样策略。综上,不分组整体取样最佳构建方法为“欧氏距离+可变类平均法+优先取样法+25%取样比例”,所得核心种质D1S2C7是最优表型核心种质,命名为PCore。

表2 42个核心种质评价参数比较

Table 2 Comparison of evaluation parameters of 42 core collections

核心种质 Core collection	均值差异百分率/% MD	方差差异百分率/% VD	极差符合率/% CR	变异系数变化率/% VR	表型保留比例/% RPR	表型多样性指数 H'
D1S1C1	3.45	17.24	88.21	114.12	89.57	1.88
D1S1C2	0.00	31.03	91.64	115.26	93.64	1.88
D1S1C3	0.00	10.34	85.56	106.98	92.10	1.89
D1S1C4	0.00	3.45	90.19	109.75	92.84	1.89
D1S1C5	0.00	13.79	91.67	111.78	92.53	1.87
D1S1C6	0.00	17.24	92.09	112.74	89.96	1.86
D1S1C7	0.00	20.69	87.90	112.58	91.75	1.89
D1S2C1	0.00	41.38	100.00	122.59	93.77	1.88
D1S2C2	0.00	51.72	100.00	122.37	92.32	1.87
D1S2C3	0.00	41.38	100.00	120.37	94.24	1.86
D1S2C4	0.00	51.72	100.00	121.23	92.10	1.87
D1S2C5	0.00	41.38	100.00	120.57	95.00	1.89
D1S2C6	0.00	48.28	100.00	121.56	93.17	1.87
D1S2C7	0.00	58.62	100.00	123.45	93.29	1.86
D1S3C1	0.00	55.17	96.79	122.19	91.80	1.86
D1S3C2	0.00	34.48	95.21	119.15	92.45	1.85
D1S3C3	0.00	27.59	91.79	115.35	91.02	1.86
D1S3C4	0.00	37.93	95.09	119.90	89.87	1.83
D1S3C5	0.00	41.38	94.44	119.43	91.75	1.86
D1S3C6	0.00	51.72	95.30	121.17	91.76	1.85
D1S3C7	0.00	37.93	94.45	119.64	88.89	1.83
D2S1C1	6.90	27.59	96.19	117.32	93.60	1.88
D2S1C2	0.00	6.90	92.84	112.11	92.78	1.88
D2S1C3	13.79	10.34	92.19	109.72	94.67	1.90
D2S1C4	0.00	13.79	91.50	110.89	93.26	1.87
D2S1C5	0.00	13.79	87.77	104.03	93.56	1.90
D2S1C6	0.00	3.45	88.70	106.83	90.77	1.86
D2S1C7	0.00	3.45	84.57	103.05	93.56	1.88
D2S2C1	0.00	41.38	100.00	119.83	95.10	1.89
D2S2C2	0.00	51.72	100.00	122.04	92.39	1.87
D2S2C3	0.00	41.38	100.00	120.51	93.90	1.88
D2S2C4	0.00	44.83	100.00	119.84	94.16	1.88
D2S2C5	0.00	37.93	100.00	121.02	92.17	1.87
D2S2C6	0.00	41.38	100.00	120.88	94.20	1.88
D2S2C7	0.00	41.38	100.00	119.80	92.83	1.86
D2S3C1	6.90	51.72	96.96	119.03	92.49	1.86
D2S3C2	0.00	37.93	94.23	118.30	91.42	1.87
D2S3C3	0.00	44.83	95.84	118.86	91.80	2.09
D2S3C4	3.45	41.38	95.73	118.81	92.07	1.89
D2S3C5	0.00	48.28	94.46	117.01	89.91	1.86
D2S3C6	0.00	44.83	94.41	118.46	92.18	1.87
D2S3C7	0.00	41.38	94.27	115.75	89.91	1.86

注: D1. 欧氏距离; D2. 马氏距离; S1. 随机取样法; S2. 优先取样法; S3. 偏离度取样法; C1. 最短距离法; C2. 最长距离法; C3. 中间距离法; C4. 不加权类平均法; C5. 可变法; C6. 离差平方和法; C7. 可变类平均法。

Note: D1. Euclidean distance; D2. Mahalanobis distance; S1. Random sampling method; S2. Preferred sampling method; S3. Deviation sampling method; C1. Single linkage method; C2. Complete linkage method; C3. Middle distance clustering; C4. Unweighted class average method; C5. Variable method; C6. Ward's method; C7. Flexible-beta method.

表3 不同取样比例下核心种质评价参数比较

Table 3 Comparison of core collections evaluation parameters under different sampling ratios

取样比例/% Sampling size	均值差异百分率/% MD	方差差异百分率/% VD	极差符合率/% CR	变异系数变化率/% VR	表型保留比例/% RPR	表型多样性指数 <i>H'</i>
10	0.00	55.17	85.95	126.93	80.28	1.78
15	0.00	58.62	96.02	131.25	87.88	1.81
20	0.00	55.17	99.74	125.86	91.32	1.86
25	0.00	58.62	100.00	123.45	93.29	1.86
30	0.00	37.93	100.00	119.24	94.24	1.89
35	0.00	10.34	100.00	116.04	94.63	1.88
40	0.00	10.34	100.00	113.61	96.48	1.92

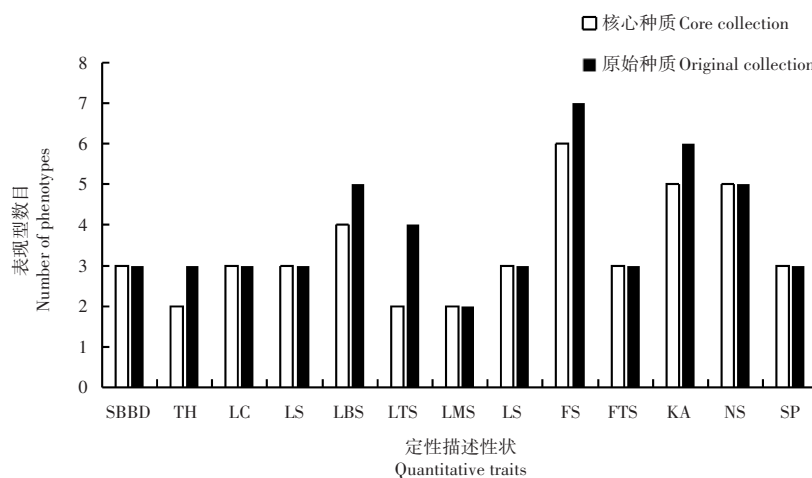
表4 分组与不分组取样下核心种质评价参数比较

Table 4 Comparison of core collections evaluation parameters under grouped and non-grouped sampling

核心种质 Core collection	均值差异百分率/% MD	方差差异百分率/% VD	极差符合率/% CR	变异系数变化率/% VR	表型保留比例/% RPR	表型多样性指数 <i>H'</i>
Core-P	0.00	17.24	91.00	111.07	92.91	1.88
Core-L	0.00	24.14	90.90	114.08	93.48	1.90
Core-G	0.00	13.79	91.71	113.12	93.60	1.89
Pcore	0.00	58.62	100.00	123.45	93.29	1.86

注:Core-P、Core-L、Core-G 分别表示采用简单比例、对数比例、遗传多样性法构建的核心种质;PCore.表型核心种质。

Note: Core-P, Core-L, Core-G indicated the core collection constructed by simple ratio, logarithmic ratio, and genetic diversity method, respectively; PCore. Phenotypic Core Collection.



SBBD. 二次枝弯曲度; TH. 针刺; LC. 叶片颜色; LS. 叶片形状; LBS. 叶基形状; LTS. 叶尖形状; LMS. 叶缘形状; LFS. 叶片状态; FS. 果实形状; FTS. 果顶形状; KA. 核形; NS. 核纹; SP. 种仁饱满度。下同

SBBD. Secondary branch bending degree; TH. Thorn; LC. Leaf color; LS. Leaf shape; LBS. Leaf base shape; LTS. Leaf tip shape; LMS. Leaf margin shape; LFS. Leaf state; FS. Fruit shape; FTS. Fruit top shape; KA. karyomorphism; NS. Nuclear striation; SP. Seed plumpness. The same below

图1 核心种质与原始种质定性描述性状表型保留比较

Figure 1 Comparison of the phenotype reservations of the core and the initial collection in quantitative traits

2.4 酸枣核心种质的评价

2.4.1 定性描述性状评价 本研究记录13个定性描述性状(图1),其中针刺、叶基形状、叶尖形状、果实形状、核形的表现型发生遗漏,在针刺中遗漏“无”表现型,叶基形状遗漏“截形”表现型,叶尖形状遗漏“锐尖”和“急尖”表现型,果实形状遗漏“葫芦形”表现型,核形遗漏“圆锥形”表现型,这6个丢失表现型在原始种质的份数较少,分别仅有1份、7份、2份、1份、1份和6份,保留比例为88%,能够较好地代表原始种质。

2.4.2 核心种质的评价参数分析及 t 检验 由表5可知,核心种质的29个定量描述性状的最大值和最小值与原始种质相同,其极差符合率达到100%,核心种质定量描述性状均值、变异系数、多样性指数与原始种质的对应值基本接近。 t 检验结果表明所有性状的均值均无显著差异($p>0.05$),即均值差异百分率为0,这表明构建的酸枣核心种质表型变异特征具有很好的代表性,与原始种质在各指标上相差不大。

表5 原始种质和核心种质基础特征值和 t 检验Table 5 Basic eigenvalues and t -test in traits of the initial and core collection

定量描述性状 Quantitative traits	种质 Germplasms	最大值 Max	最小值 Min	均值 Mean	变异系数 CV	多样性指数 H'	t 检验 t -test
叶片长度/mm	ICore	10.15	53.42	26.77	33.40	2.02	0.638
Leaf length (LL)	PCore	10.15	53.42	27.45	38.40	2.02	
叶片宽度/mm	ICore	6.55	26.73	13.73	29.64	1.98	0.503
Wild leaf blade (WLB)	PCore	6.55	26.73	14.17	34.19	2.00	
叶形指数	ICore	1.03	3.55	1.98	21.05	2.00	0.774
Leaf shape index (LSI)	PCore	1.03	3.55	1.96	23.48	1.85	
叶柄长度/mm	ICore	1.07	6.19	2.37	33.34	1.96	0.578
Petiole length (PL)	PCore	1.07	6.19	2.44	38.91	1.88	
叶柄宽度/mm	ICore	0.43	1.06	0.70	16.00	2.04	0.658
Leafstalk width (LW)	PCore	0.43	1.06	0.71	16.89	2.01	
二次枝长度/cm	ICore	9.68	34.60	17.77	22.48	2.00	0.982
Length of secondary shoot (LSS)	PCore	9.68	34.60	17.75	27.87	1.91	
二次枝节数	ICore	4.00	16.67	8.35	21.14	2.02	0.982
Number of secondary shoot node (NSSN)	PCore	4.00	16.67	8.34	27.85	1.86	
枣吊长度/cm	ICore	5.22	26.60	12.62	27.36	2.00	0.875
Length of bearing shoot (LOBS)	PCore	5.22	26.60	12.53	29.39	1.84	
枣吊叶片数	ICore	6.14	22.33	12.68	27.10	1.96	0.625
Number of leaf on bearing shoot (NLBS)	PCore	6.14	22.33	12.42	28.17	1.88	
直刺长度/mm	ICore	4.38	38.85	17.01	33.94	2.06	0.731
Straight thorn length (STL)	PCore	4.38	38.85	16.69	42.55	1.93	
托刺长度/mm	ICore	1.34	7.87	3.67	32.77	2.00	0.647
Bend length (BL)	PCore	1.34	7.87	3.58	36.52	1.93	
单果质量/g	ICore	0.33	4.64	1.43	57.59	1.84	0.417
Single fruit mass (SFM)	PCore	0.33	4.64	1.55	65.22	1.89	
果实纵径/mm	ICore	8.85	23.66	14.28	21.22	1.99	0.619
Fruit vertical length (FVL)	PCore	8.85	23.66	14.57	27.05	1.89	
果实横径/mm	ICore	7.28	20.23	13.02	21.10	2.04	0.894
Fruit horizontal diameter (FHD)	PCore	7.28	20.23	13.09	24.65	2.00	
果形指数	ICore	0.82	1.71	1.11	12.65	2.00	0.338
Fruit shape index (FSI)	PCore	0.82	1.71	1.13	15.15	1.94	
出核率/%	ICore	6.24	55.37	20.08	44.29	1.91	0.961
Nutlet rate (NR)	PCore	6.24	55.37	20.16	56.27	1.83	
单核质量/g	ICore	0.09	0.45	0.23	25.93	2.05	0.717
Single nutlet mass (SNM)	PCore	0.09	0.45	0.23	32.81	2.01	
果核纵径/mm	ICore	6.91	16.58	10.20	17.58	2.00	0.596
Nutlet vertical diameter (NVD)	PCore	6.91	16.58	10.38	22.62	1.92	
果核横径/mm	ICore	5.52	9.75	6.97	9.68	2.05	0.586
Nutlet horizontal diameter (NHD)	PCore	5.52	9.75	7.04	12.53	1.93	
核形指数	ICore	0.76	2.53	1.48	18.62	1.96	0.735
Nucleation index (NI)	PCore	0.76	2.53	1.49	23.87	1.91	
出仁率/%	ICore	3.75	31.03	16.39	25.00	2.05	0.644
Kernel rate (KR)	PCore	3.75	31.03	16.04	32.04	2.00	
单仁质量/g	ICore	0.01	0.07	0.04	29.44	2.05	0.788
Single kernel mass (SKM)	PCore	0.01	0.07	0.04	38.90	1.94	
果仁纵径/mm	ICore	4.91	8.19	6.50	10.36	2.09	0.472
Kernel vertical diameter (KVD)	PCore	4.91	8.19	6.59	12.58	2.00	
果仁横径/mm	ICore	3.67	6.36	5.08	8.69	2.04	0.671
Kernel horizontal diameter (KHD)	PCore	3.67	6.36	5.11	11.41	2.02	
仁形指数	ICore	0.93	1.65	1.28	9.91	2.08	0.601
Kernel-form index (KI)	PCore	0.93	1.65	1.29	12.31	1.83	
果仁侧径/mm	ICore	1.38	3.47	2.50	13.91	1.99	0.513
Kernel side diameter (KSD)	PCore	1.38	3.47	2.53	15.83	1.96	
含仁率/%	ICore	60.00	100.00	99.10	4.57	0.24	0.059
The Kernel content (TKC)	PCore	60.00	100.00	96.73	8.86	0.62	
双仁率/%	ICore	0.00	90.00	24.41	85.46	1.92	0.247
Dual kernel rate (DFR)	PCore	0.00	90.00	20.58	111.97	1.45	
可食率/%	ICore	44.63	93.76	79.92	11.13	1.95	0.956
Edible rate (ER)	PCore	44.63	93.76	79.84	14.21	1.80	

注:ICore.原始种质;PCore.核心种质。

Note:ICore. Initial collection; PCore. Core collection.

2.4.3 核心种质与原始种质的符合率检验 由表6可知,在均值符合率中仅有双仁率的均值符合率偏低,只有84.32%,平均均值符合率为97.83%。多样性指数符合率中含仁率的符合率偏低(38.26%),2个性状的多样性指数符合率在70%~90%之间,26个性状的多样性指数符合率在90%以上,平均多样性指数符合率为93.09%,最大值符合率和最小值符合率均为100%,说明核心种质能够较好地代表原始种质,保留特异种质。

表6 核心种质和原始种质表型性状的符合率检验

表型性状 Phenotypic trait	均值符合率/% Mean coincidence rate	最大值符合率/% Max coincidence rate	最小值符合率/% Min coincidence rate	多样性指数符合率/% Coincidence rate of diversity index
LL	97.53	100.00	100.00	99.99
WLB	96.90	100.00	100.00	99.26
LSI	99.06	100.00	100.00	92.23
PL	97.12	100.00	100.00	96.27
LW	98.94	100.00	100.00	98.51
LSS	99.92	100.00	100.00	95.65
NSSN	99.92	100.00	100.00	92.41
LOBS	99.32	100.00	100.00	92.13
NLBS	97.94	100.00	100.00	95.53
STL	98.10	100.00	100.00	93.93
BL	97.64	100.00	100.00	96.61
SFM	92.08	100.00	100.00	97.25
FVL	97.99	100.00	100.00	95.09
FHD	99.50	100.00	100.00	97.81
FSI	98.04	100.00	100.00	96.89
NR	99.59	100.00	100.00	95.71
SNM	97.95	100.00	100.00	98.10
NVD	98.21	100.00	100.00	96.19
NHD	99.00	100.00	100.00	93.79
NI	98.80	100.00	100.00	97.26
KR	97.83	100.00	100.00	97.45
SKM	98.38	100.00	100.00	94.50
KVD	98.65	100.00	100.00	95.68
KHD	99.29	100.00	100.00	98.97
KI	99.04	100.00	100.00	87.89
KSD	98.58	100.00	100.00	98.24
TKC	97.61	100.00	100.00	38.36
DFR	84.32	100.00	100.00	75.62
ER	99.90	100.00	100.00	92.30

2.5 酸枣核心种质与原始种质的确认

主成分分析结果表明(表7),以特征值大于1为标准,原始种质入选9个主成分,累计贡献率为79.74%,核心种质入选8个主成分,累计贡献率为80.12%,且除第5主成分外,核心种质各主成分贡献率均比原始种质高,说明核心种质能够消除遗传冗余。样品分布图表明(图2),原始种质分布集中,种质间存在大量重叠,具有较高的遗传相似性。核心种质分布较为均匀,降低种质间重叠程度,去除遗传冗余,基本上保留原始种质的分布特征。

2.6 酸枣核心种质的补充和完善

本研究构建的酸枣核心种质共52份,通过评价和检验,能够较好地代表原始种质的表型多样性,但在取样过程中存在一定程度的丢失。就种质来源而言,辽宁建平和河北阜平种源的种质没有入选,2个种源的种质数量仅有3份和4份,从2个种源中分别随机抽取1份种质入选。在13个定性描述性性状中缺失6个表现型,保留种质中,针刺“无”的表现型和叶尖形状“急尖”的表现型均仅有1份种质满足,分别为904号和601号,因此2份种质直接入选核心种质。有1份种质同时满足果形“葫芦形”的表现型和核形“圆锥形”的表现型,抽取该种质入选核心种质,有7份种质满足叶基形状“截形”的表现型,随机抽取1份种质进入核心种质,2份种质满足叶尖形状“锐尖”的表现型,随机抽取1份种质进入核心种质(表8)。综上,经过补充完善,共得到58份核心种质。

表7 核心种质与原始种质主成分分析

Table 7 Principal component analysis between core collection and initial collection

主成分 Component	原始种质 Initial collection			核心种质 Core collection		
	特征值 Eigen value	贡献率/% Proportion contribution rate	累计贡献率/% Cumulative contribution rate	特征值 Eigen value	贡献率/% Proportion contribution rate	累计贡献率/% Cumulative contribution rate
1	8.18	28.19	28.19	8.41	28.99	28.99
2	3.55	12.23	40.42	4.37	15.06	44.05
3	2.49	8.57	49.00	2.70	9.30	53.35
4	2.15	7.40	56.39	2.10	7.24	60.59
5	1.88	6.49	62.88	1.67	5.76	66.35
6	1.43	4.93	67.81	1.51	5.22	71.57
7	1.26	4.34	72.15	1.29	4.45	76.02
8	1.16	3.99	76.14	1.19	4.10	80.12
9	1.04	3.60	79.74	0.92	3.18	83.30

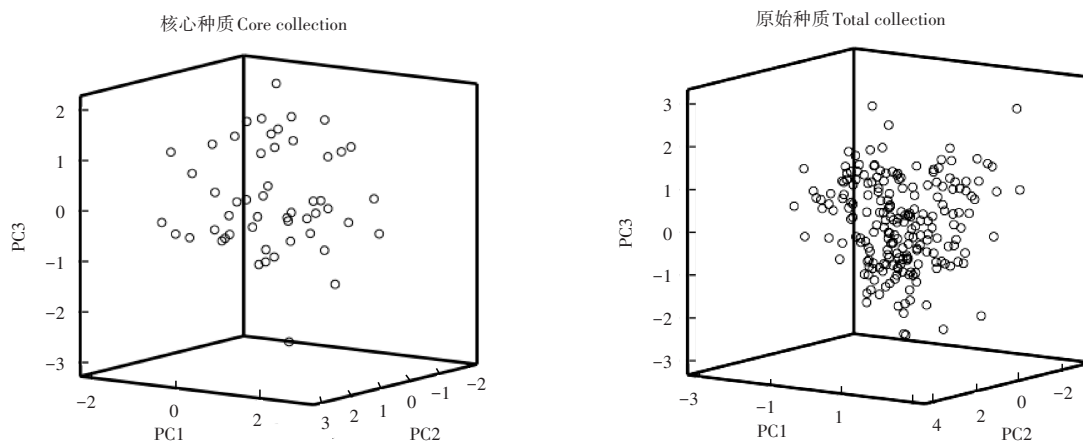


图2 基于第1、第2和第3主成分样品分布图

Figure 2 Sample distribution based on principal components 1, 2 and 3

表8 核心种质份数占原种质份数的比例

Table 8 The proportion of core collection to initial collection

种源地 Provenance	原种质份数 Number of initial collection	核心种质份数 Number of core collection	核心种质所占比例/% The proportion of core collection
辽宁喀左 Kazuo, Liaoning	40	10	25.00
辽宁建平 Jianping, Liaoning	3	0	0.00
山西夏县 Xiaxian, Shanxi	6	4	66.67
山西平陆 Pinglu, Shanxi	11	2	18.18
陕西佳县 Jiaxian, Shaanxi	13	3	23.08
陕西绥德 Suide, Shaanxi	9	2	22.22
陕西延川 Yanchuan, Shaanxi	19	4	21.05
陕西宜川 Yichuan, Shaanxi	5	2	40.00
河北复兴 Fuxing, Hebei	12	4	33.33
河北武安 Wuan, Hebei	4	3	75.00
河北信都 Xindou, Hebei	14	2	14.29
河北内丘 Neiqiu, Hebei	4	1	25.00
河北临城 Lincheng, Hebei	3	2	66.67
河北赞皇 Zanhuang, Hebei	16	3	18.75
河北元氏 Yuanshi, Hebei	9	2	22.22
河北阜平 Fuping, Hebei	4	0	0.00
河北顺平 Shunping, Hebei	12	2	16.67
山东长清 Changqing, Shandong	12	5	41.67
内蒙古元宝山 Yuanbaoshan, Inner Mongolia	15	1	6.67

3 讨论与结论

表型数据构建核心种质是最直接的方法^[25],在核心种质研究中被广泛使用。构建核心种质的关键环节是制定合适的取样方法,主要包括随机取样法、优先取样法和偏离度取样法3种方法。于晓池等^[26]基于表型性状对200份灰楸进行核心种质构建研究发现,采用偏离度取样构建的灰楸核心种质优于其他2种方法,构建的灰楸核心种质代表性最好。张欢等^[14]利用161份水青树的叶表型性状数据探索水青树核心种质构建策略,发现优先取样法更适合用来构建水青树的核心种质资源库。本研究对3种取样方法进行筛选,发现优先取样法构建的核心种质VD、CR、VR最大,冗余程度低,提高核心种质变异水平。

确定适宜的取样比例是衡量核心种质是否有效的重要环节,取样比例高低,决定核心种质的冗余程度、代表性和多样性,影响着种质资源的保存与利用^[13]。研究表明,多数木本植物核心种质的取样比例为10%~45%。钟永达等^[27]在樟树种质核心种质构建策略研究中发现,认为25%取样比例构建中国樟树核心种质效果最佳。WANG等^[28]在30%的取样比例下,利用780份云南松的表型数据构建核心种质。XUE等^[29]利用252份滇楸种质为材料构建表型核心种质,取样比例为30%。本研究基于7个取样比例筛选最佳取样比例,发现25%取样比例构建的核心种质VD和CR最大,表型保留比例大于90%,可作为构建酸枣核心种质的最佳取样比例。

准确地评价种质资源的相似性是合理构建核心种质的前提,遗传距离能够准确地度量种质间的相似性^[30],遗传距离计算方法主要包括欧氏距离和马氏距离,例如孙永强等^[12]基于西伯利亚杏45个表型性状数据,采用欧氏距离构建44份核心种质。白桦^[7]、切花小菊^[30]、樱桃番茄^[31]等植物利用欧氏距离构建的核心种质构建效果最优。筛选合适的系统聚类方法是核心种质构建策略研究的重要环节。邹梁峰等^[32]的研究发现,类平均法是毛花猕猴桃雌株核心种质最优聚类方法。李洪果等^[10]在杜仲核心种质研究中发现中间距离法聚类效果最好。本研究以7种聚类方法构建核心种质,发现可变类平均法构建的核心种质D1S2C7代表性最好。

检验代表性和实用性是评价核心种质资源库是否合适的关键步骤^[14]。目前,核心种质的代表性和多样性主要通过均值差异百分率、方差差异百分率、极差符合率、变异系数变化率、表型保留比例、表型多样性指数等参数来评价, HU等^[18]研究表明,均值差异百分率小于20%,极差符合率大于80%时,所构建的核心种质具有代表性,这一结论广泛应用在水稻^[33]、欧洲黑杨^[34]、刺槐^[17]、核桃^[13]等物种的核心种质研究中。*t*检验、主成分分析和样品分布图等方法被广泛应用于野杏、西伯利亚杏、建兰、荔枝核心种质代表性评价和确认中^[12,22,35-36]。本研究在25%取样比例下,基于优先取样法、欧氏距离、可变类平均法构建52份酸枣核心种质,定量描述性状保留比例、*t*检验、符合率检验、主成分分析、样品分布图说明核心种质具有较好的代表性,去除遗传冗余。

综上所述,基于不分组整体取样策略,在25%取样比例下进行优先取样,采用欧氏距离和可变类平均法进行逐步聚类是构建酸枣核心种质的最佳取样策略。核心种质的MD、VD、CR、VR、RPR和H'分别为0.00%、58.62%、100.00%、123.45%、93.29%和1.86。定性描述性状保留比例、*t*检验、符合率检验、主成分分析和样品分布图表明构建的核心种质具有较好的代表性,去除原始种质中的部分遗传冗余,基本上保留原始种质的分布特征,最终得到58份核心种质,保留原始种质27.49%的样本。本研究利用酸枣表型性状构建能够代表原始种质表型遗传多样性的核心种质,但形态学标记易受环境条件及遗传表达的影响,可能会损失部分遗传多样性,今后还需结合分子标记等更深层次的研究加以验证。

参考文献:

- [1] ZHANG C M, HUANG J, YIN X, et al. Genetic diversity and population structure of sour jujube, *Ziziphus acidujuba* [J]. *Tree Genetics & Genomes*, 2015, 11: 809.
- [2] 张颖, 郭盛, 朱邵晴, 等. 不同干燥方法对酸枣叶中核苷类、氨基酸类及黄酮类成分的影响[J]. *食品工业科技*, 2016, 37(9): 296-303.
- [3] 杜晨晖, 崔小芳, 裴香萍, 等. 酸枣仁皂苷类成分及其对神经系统作用研究进展[J]. *中草药*, 2019, 50(5): 1258-1268.

- [4] 王勤瑶.烟台、赞皇、银川、吐鲁番,四个种源酸枣苗形态结构对干旱胁迫的响应[D].临汾:山西师范大学,2016.
- [5] FRANKEL O H.Genetic perspectives of germplasm conservation[M]//Genetic Manipulation:Impact on Man and Society.ARBBER W K,LLIMENSEE K,PEACOCK W J,et al.Cambridge:Cambridge University Press,1984:161-170.
- [6] BROWN A,FRANKEL O H,MARSHALL D R,et al.The Case for Core Collection[M].Cambridge:Cambridge University Press,1989:136-156.
- [7] 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.
- [8] LI N,YANG Y M,XU F,et al.Genetic diversity and population structure analysis of *Castanopsis hystrix* and construction of a core collection using phenotypic traits and molecular markers[J].Genes,2022,13(12):2383.
- [9] XU C Q,GAO J,DU Z F,et al.Identifying the genetic diversity,genetic structure and a core collection of *Ziziphus jujuba* Mill.var.*jujuba* accessions using microsatellite markers[J].Scientific Reports,2016,6:31503.
- [10] 李洪果.杜仲遗传多样性分析、核心种质构建及分子鉴别[D].北京:中国林业科学研究院,2017.
- [11] 李洪果,陈达镇,劳庆祥,等.基于表型性状初步构建格木核心种质[J].分子植物育种,2019,17(20):6881-6890.
- [12] 孙永强,陈建华,张 剑,等.基于表型性状的西伯利亚杏核心种质构建[J].沈阳农业大学学报,2022,53(1):43-54.
- [13] 曾钦滕,曾亚军,陈胜群,等.贵州核桃核心种质筛选与构建研究[J].西北植物学报,2022,42(5):865-873.
- [14] 张 欢,王 东,段 帆,等.基于水青树叶表型性状的核心种质资源库构建策略[J].林业科学研究,2019,32(2):166-173.
- [15] 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.
- [16] 陈 存,丁昌俊,黄秦军,等.美洲黑杨表型核心种质库构建[J].林业科学研究,2021,34(2):1-11.
- [17] 郭 琪.刺槐种质资源的遗传多样性评价及核心种质构建[D].北京:北京林业大学,2019.
- [18] 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):264-268.
- [19] 马玉敏.中国野生板栗(*Castanea mollissim* Blume)群体遗传结构和核心种质构建方法[D].泰安:山东农业大学,2009.
- [20] 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.
- [21] LI Z C,ZHANG H L,ZENG Y W,et al.Studies on sampling schemes for the establishment of core collection of rice landraces in Yunnan,China[J].Genetic Resources and Crop Evolution,2002,49(1):67-74.
- [22] 刘 娟.新疆杏种质资源遗传多样性及核心种质构建[D].乌鲁木齐:新疆农业大学,2015.
- [23] 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.
- [24] 李洪果,陈达镇,许靖诗,等.濒危植物格木天然种群的表型多样性及变异[J].林业科学,2019,55(4):69-83.
- [25] 李秀诗,付瑜华,周 祥,等.基于表型性状的薏苡初级核心种质库构建[J].热带作物学报,2020,41(4):669-675.
- [26] 于晓池,李 凤,欧 阳,等.基于表型的灰楸核心种质构建[J].林业科学研究,2021,34(6):38-45.
- [27] 钟永达,刘立盘,李彦强,等.中国樟树初级核心种质取样方法与策略研究[J].西南林业大学学报(自然科学),2020,40(4):1-13.
- [28] WANG X L,CAO Z L,GAO C J,et al.Strategy for the construction of a core collection for *Pinus yunnanensis* Franch.to optimize timber based on combined phenotype and molecular marker data[J].Genetic Resources and Crop Evolution,2021, 68(8):3219-3240.
- [29] XUE H F,YU X C,FU P Y,et al.Construction of the core collection of *Catalpa fargesii* f.*duclouxii* (huangxinzi) based on molecular markers and phenotypic traits[J].Forests,2021,12(11):1518.
- [30] 赵立民,李嘉伟,张 飞,等.基于表型数据构建切花小菊核心种质[J].园艺学报,2022,49(10):2273-2284.
- [31] 牛 玉,刘维侠,杨 衍,等.樱桃番茄核心种质资源构建策略[J].热带作物学报,2019,40(12):2356-2363.
- [32] 邹梁峰.毛花猕猴桃雄株核心种质构建及遗传多样性分析[D].南昌:江西农业大学,2019.
- [33] KUMAR A,KUMAR S,SINGH K B M,et al.Designing a mini-core collection effectively representing 3004 diverse rice accessions[J].Plant Communications,2020,1(5):100049.
- [34] 曾宪君,李 丹,胡彦鹏,等.欧洲黑杨优质核心种质库的初步构建[J].林业科学,2014,50(9):51-58.
- [35] 陈明堃,陈 璐,孙维红,等.建兰种质资源遗传多样性分析及核心种质构建[J].园艺学报,2022,49(1):175-186.
- [36] 李冬波,徐 宁,秦献泉,等.广西原产和引种荔枝种质资源的遗传多样性分析及核心种质构建[J].南方农业学报,2020,51(7):1537-1544.