

中国花生核心种质的建立

姜慧芳, 任小平, 廖伯寿, 黄家权, 陈本银

(中国农业科学院油料作物研究所, 武汉 430062)

摘要: 以中国花生种质资源数据库中记录的 6390 份花生资源为材料, 以其基本数据、特征数据和评价数据为信息, 采用分层、层内分组聚类以及随机取样与必选资源相结合的方法, 构建了由 576 份资源组成的花生核心种质, 占基础收集品的 9.01%。对核心种质的植物学类型组成和遗传多样性指数的分析, 以及对各性状特征值、符合率和包含的主要抗病资源抗性等级及重要农艺性状资源的检测结果表明, 本研究建立的核心种质是有效的。基础收集品中各种性状的遗传变异在核心种质中均存在, 所用 15 个性状的各种特征值符合率均在 90% 以上, 其中绝大部分性状的符合率达 96% 以上。

关键词: 花生资源; 核心种质; 遗传多样性

中图分类号: S565.2; Q346.5

文献标识码: A

文章编号: 1000-470X(2007)03-0289-05

Establishment of Peanut Core Collection in China

JIANG Hui-Fang, REN Xiao-Ping, LIAO Bo-Shou, HUANG Jia-Quan, CHEN Ben-Yin

(Oil Crops Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Wuhan 430062, China)

Abstract: The characterization of diversity in germplasm collection is important to plant breeders to utilize and to the genebank curators to manage the collection efficiently. The available large variability contained in germplasm accessions has not been adequately utilized in the peanut improvement programs which is mainly due to lack of information on important agronomic and economic traits, which require extensive evaluation. The development of core collection could facilitate easier access to peanut genetic resources, enhance their use in crop improvement programs, and simplify the genebank management. This paper describes the development of a core collection from 6390 accessions of peanut descriptor traits available from China genebank. The germplasm accessions were stratified by botanical types and then grouped by ecological origin within each of botanical varieties. Data on 15 morphological and seed chemical traits were used for clustering by SAS method. From each cluster, 5 percent to 10 percent accessions were either randomly or compulsorily selected to constitute a core collection consisting of 576 accessions. The accessions widely grown in production or extensively used in breeding programs must be included in the core collection. The rest of the accessions included were randomly selected. Comparisons using mean, range, standard deviation, coefficient of variation and diversity index on different descriptors indicated that the genetic variation available for these traits in the entire collection has been preserved in the core collection. This core collection provides an effective mechanism for the proper exploitation of peanut germplasm resources for the genetic improvement of this crop.

Key words: Peanut germplasm resources; Core collection; Genetic diversity

花生是重要的油料和经济作物, 中国是世界上最大的花生生产国。近 20 年来, 我国政府和科学家非常重视农作物品种资源的研究, 收集保存了花生资源 7000 多份, 对其主要植物学性状、农艺性状、抗病虫性、种子品质性状作了系统评价, 获得了大批具有各种优良性状的资源^[1]。但从总体上看, 我国花生种质资源研究还存在一些重要缺陷, 包括对保存

资源的遗传多样性程度和分布不清楚, 影响了种质的引进和发掘; 性状鉴定不够深入, 尤其是一些鉴定技术较为复杂的重要性状(黄曲霉、干旱、油酸等)研究未有效开展, 影响了种质的利用。因此, 建立我国花生种质资源核心收集品, 利用核心资源来更有效地发掘新的基因源, 是我国花生种质资源研究和育种取得新突破的重要基础性课题。

收稿日期: 2006-10-30, 修回日期: 2006-12-30。

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(30571132); 国家科技基础条件平台项目(2004DKA30390-13, 2005DKA21002-13)。

作者简介: 姜慧芳(1963-), 博士, 副研究员, 从事花生种质资源研究。

种质资源核心收集品能以最小的样本数代表一个物种或基础收集品最大量或全部的遗传变异,有助于简化种质资源的评价、保存和重要性状发掘并提高效率^[2]。近几年来,国内芝麻^[3]、水稻^[4]、小麦^[5]、大豆^[6]等多种作物建立了核心种质。在花生核心种质的建立及研究方面,美国率先建立了以11.18%的样本数代表基础收集品的核心种质^[7],为后来的抗根结线虫和抗黄曲霉鉴定以及高油资源等的发掘提供了基础^[8-10]。国际半干旱热带地区作物研究所(ICRISAT)建立了花生核心种质(以11.9%的样本数代表全部样本)^[11]和小核心种质(以1.29%的样本数代表全部样本)^[12],他们认为用大约1%的样本数代表全部样本数的小核心种质是有效的,基础收集品中的各种性状变异在小核心种质中均存在^[13,14]。上述研究方法对建立我国花生核心种质具有重要的参考作用。

1 材料与方法

1.1 材料

中国花生种质资源数据库中记录的栽培种花生(*Arachis hypogaea* L.)资源6390份。

1.2 方法

1.2.1 核心种质的构建 首先按植物学类型分层,共分5层,即多粒型、珍珠豆型、龙生型、普通型和中间型。在每一层内按地理来源分组,国内资源按生态区分组,包括东北西北花生区、华北黄淮花生区、长江流域花生区、南方花生区,国外资源按北美和南美洲、亚洲和非洲、ICRISAT、欧洲及大洋洲,因此,共分32组。在每组内,以种质资源的形态特征、农艺性状和品质性状等包括主茎高、生育期、百果重、百仁重、出仁率、单株生产力、蛋白质含量、含油量、棕榈酸含量、硬脂酸含量、油酸含量、亚油酸含量、花生酸含量、花生烯酸含量、山嵛酸含量等15个数据信息为基本数据,采用SAS分析软件进行排序和聚类分析,聚类分析采用欧氏类平均距离法。根据聚类分析结果和相似值,按5%~10%的比例从每组中选取样本组成核心种质,对于相似值较大即遗传多样性程度较小的类群以约5%比例取样,对于相似值较小即遗传多样性程度较大的类群以8%~10%比例取样,随机取样与必选资源相结合进行取样,对于包含在生产或育种中起过重要作用资源的某一类群而言,首先选取这些重要资源,然后再按比例随机取样。

1.2.2 核心种质的检测 利用基础收集品和核心

种质的数量性状的各自平均值、最大值、最小值、标准差、变异系数和多样性指数^[5]检测核心种质的遗传变异与基础收集品的符合率^[3]以及核心种质的代表性。

2 结果与分析

2.1 核心种质的构建

对5层32组共6390份花生资源用同样的性状信息在各组内的聚类分析结果表明,6390份花生资源聚为258个品种群,其中多粒型花生含21个品种群,珍珠豆型和普通型花生各含100个品种群,龙生型花生含19个品种群,中间型花生含18个品种群。然后在每一品种群内按5%~10%比例取样,首先选取‘伏花生’、‘狮头企’、‘协抗青’、‘台山三粒肉’、‘徐州68-4’等骨干育种亲本和大面积推广品种,然后随机选取其他资源,共选出576份资源组成核心收集品,占基础收集品的9.01%。获得的核心收集品中各类型花生资源组成见表1。

表1 花生资源基础收集品和核心收集品的组成及各类型的多样性指数

Table 1 The botanical components and their diversity index in entire and core collections

Botanical type	Accession numbers (percentage)		Diversity index	
	基础品 Entire	核心品 Core	基础品 Entire	核心品 Core
多粒型 Valencia	702(10.99%)	58(10.07%)	1.469861	1.466211
珍珠豆型 Spanish	2621(41.02%)	237(41.15%)	1.501668	1.563033
龙生型 Dragon	368(5.76%)	34(5.90%)	1.545112	1.620330
普通型 Virginia	2227(34.85%)	210(36.46%)	1.579767	1.606702
中间型 Irregular	472(7.39%)	37(6.42%)	1.350742	1.387442
合计 Total	6390	576		

从表1的数据可以看出,在我国花生基础品中,珍珠豆型资源占有很大的比重,达41.02%;其次是普通型花生,比例为34.85%;多粒型、龙生型和中间型花生资源所占比重较小,分别为10.99%、5.76%和7.39%。通过分析计算,普通型和龙生型花生资源的多样性指数相对较高,中间型和多粒型资源的多样性指数相对较低。由此可见,多样性指数与资源数量之间没有绝对相关性。在构建的核心收集中,珍珠豆型资源的比重占41.15%,普通型花生的比例为36.16%,多粒型、龙生型和中间型花生资源所占比重较小,分别为10.07%、5.90%和

6.42%。多样性指数分析表明,普通型和龙生型花生资源的多样性指数相对较高,中间型和多粒型资源的多样性指数相对较低。可见,本研究建立的花生核心收集品代表了我国花生资源基础品。

2.2 核心种质与基础品各性状特征值的比较

通过对资源数据的整理并应用 EXCEL 文档计算平均值、标准差和变异系数,参照参考文献[5]计算多样性指数,获得的结果列于表 2。

从表 2 的数值可以看出,核心种质与基础收集品在 15 个性状的变异范围、平均值、标准差、变异系数和多样性指数方面均表现一致,表明基础品中各性状的变异在核心种质中均存在,因此本研究建立的核心种质是有效的。

2.3 核心品与基础品各性状的符合率

通过计算,获得的核心收集品与基础品的各性

状特征值的符合率列于表 3。

从核心种质与基础收集品在 15 个性状的各个特征值的符合率看,14 个性状的平均值符合率均在 98% 以上,最高符合率为 100%,山嵛酸含量的平均值符合率为 95.82%。标准差的符合率均在 90% 以上,9 个性状的符合率在 96% 以上,最高符合率为 100% (硬脂酸含量)。变异系数的符合率也都是在 90% 以上,最高符合率为 99.35%。多样性指数符合率均在 96% 以上,最高符合率为 99.84%。由此也表明,本研究构建的核心种质是有效的。

2.4 核心种质中包含的抗病资源的抗性等级

在“七五”~“十五”国家科技攻关课题、科技基础性工作、农业部种质资源保护项目执行过程中,对 5700 份资源进行了锈病、早斑病、晚斑病和青枯病的抗性鉴定,在按照国际 9 级标准对锈病、早斑病、

表 2 核心种质与基础品各性状特征值的比较
Table 2 Feature values of 15 descriptor traits between entire and core collections

性状 Trait	范围 Range		均值 Mean		标准差 Standard deviation		变异系数 Coefficient of variation		多样性指数 Diversity index	
	核心品 Core	基础品 Entire	核心品 Core	基础品 Entire	核心品 Core	基础品 Entire	核心品 Core	基础品 Entire	核心品 Core	基础品 Entire
主茎高(cm) Plant height	8.90~121.50	7.90~123.00	45.85	45.75	17.25	17.86	37.62	39.03	1.2866	1.3186
生育期(d) Growth period	100.00~180.00	100.00~182.00	127.34	125.47	7.89	8.56	6.17	6.82	1.2362	1.2097
百果重(g) 100-pod weight	45.80~355.00	42.00~355.00	147.55	145.44	42.65	43.16	28.90	29.67	2.0865	2.0833
百仁重(g) 100-seed weight	21.70~102.40	20.50~102.40	58.83	57.76	16.98	16.53	28.87	28.61	1.9063	1.8711
出仁率(%) Shelling percentage	49.80~82.30	44.00~82.30	70.28	71.50	5.12	4.95	7.55	6.92	1.3760	1.3341
单株生产力(g) Pod yield/plant	4.00~54.00	2.70~54.00	15.63	15.78	7.59	8.01	46.03	50.76	1.5920	1.6267
蛋白质(%) Protein content	12.48~36.02	12.48~36.70	27.69	27.85	3.58	3.34	13.09	11.99	1.8798	1.8590
含油量(%) Oil content	35.36~60.21	35.36~60.26	50.62	50.84	3.02	2.79	5.98	5.49	1.7805	1.7427
棕榈酸(%) Palmitic acid content	3.46~17.47	3.46~17.61	11.07	11.06	1.49	1.36	13.46	12.29	1.1365	1.1083
硬脂酸(%) Stearic acid content	0.69~9.36	0.68~9.36	2.99	3.03	0.90	0.90	29.96	29.60	1.3660	1.3354
油酸(%) Oleic acid content	32.58~72.76	32.12~72.76	45.31	45.67	6.63	6.57	14.62	14.39	1.7463	1.7831
亚油酸(%) Linoleic acid content	12.55~50.67	12.55~52.90	34.69	34.37	5.92	5.83	17.08	16.97	1.7326	1.7495
花生酸(%) Arachidic acid content	0.20~7.49	0.18~7.50	1.96	1.96	0.75	0.74	38.38	37.82	1.7694	1.7197
花生烯酸(%) Eicosenoic acid content	0.21~8.50	0.21~8.53	1.31	1.29	0.62	0.57	47.52	44.51	1.4551	1.4069
山嵛酸(%) Behenic acid content	0.29~5.81	0.29~5.93	2.29	2.39	0.86	0.85	37.73	35.80	1.8685	1.8769

晚斑病和国家 5 级标准对青枯病的鉴定中,花生资源基础收集品包含有对锈病、早斑病、晚斑病反应所有 9 级的全部资源和对青枯病反应所有 5 级的全部资源。通过对本研究建立的核心品对这 4 种病害反应数据的整理,发现核心品也包含对锈病、早斑病、晚斑病反应所有 9 级的全部资源和对青枯病反应所有 5 级的全部资源。因此,本研究建立的核心品是有效的,也是实用的。

表 3 核心品与基础品各性状的符合率

Table 3 Coincidence between core collection and entire collection of peanut resources in China (%)

性状 Trait	均值 Mean	标准差 Standard deviation	变异系数 Coefficient of variation	多样性指数 Diversity index
主茎高 Plant height	99.78	96.58	96.39	97.58
生育期 Growth period	98.51	92.17	90.47	7.81
百果重 100-pod weight	98.55	98.82	97.40	99.84
百仁重 100-seed weight	98.15	97.28	99.09	98.12
出仁率 Shelling percentage	98.29	96.57	90.90	96.86
单株生产力 Pod yield per plant	99.05	94.76	90.68	97.87
蛋白质 Protein content	99.39	92.81	90.83	98.88
含油量 Oil content	99.57	91.76	91.07	97.83
棕榈酸 Palmitic acid content	99.91	90.44	90.48	97.45
硬脂酸 Stearic acid content	98.68	100.00	98.78	97.70
油酸 Oleic acid content	99.21	99.09	98.40	97.93
亚油酸 Linoleic acid content	99.07	98.46	99.35	99.03
花生酸 Arachidic acid content	100.00	98.65	98.52	97.12
花生烯酸 Eicosenoic acid content	98.45	91.23	93.24	96.57
山嵛酸 Behenic acid content	95.82	98.82	94.61	99.55

3 讨论

目前我国收集保存有 7337 份花生种质资源,基本数据、特征数据和评价鉴定数据较为齐全的资源有 6390 份,丰富的遗传资源为遗传研究和育种工作提供了大量的材料。然而如此众多的资源给保存、评价、鉴定及利用带来了困难,造成花生种质资源收集保存虽多,而开发利用却远未满足育种需要的现

象。核心种质是用科学的方法从一种作物的全部材料中选出尽量少的材料来代表全部材料尽可能多的遗传变异。本研究在前人工作的基础上,综合考虑各种作物在构建核心种质时尤其是美国^[7]和 ICRI-SAT^[11,12]在构建花生核心种质时所用的方法,采用分层、分组聚类法,随机取样与必选种质相结合,构建了以 576 份资源代表基础收集品 6390 份资源的核心种质。从核心种质的组成看,多粒型、珍珠豆型、龙生型、普通型和中间型资源所占比例及遗传多样性指数与基础收集品一致;从各种特征值看,核心种质 15 个性状的变异范围、平均值、标准差、变异系数和多样性指数与基础收集品一致;从符合率看,15 个性状的符合率均在 90% 以上,其中绝大部分性状的符合率在 96% 以上。可见本研究构建的核心种质具有遗传多样性的代表性。

根据概念,核心种质除要求以最少的遗传重复和种质数量代表整个遗传资源最大的多样性外,还应满足目前与将来生产与育种的需要。本研究充分考虑了对花生生产和育种曾经起到重要作用的资源,而且通过比较也表明,本研究建立的核心种质除包含有所用 15 个性状的遗传多样性外,基础收集品中所包含的抗病资源的等级在核心种质中均存在。可见,本研究建立的核心种质是实用的,能满足目前与将来花生生产与育种的需要。

参考文献:

- [1] 姜慧芳,段乃雄.花生种质资源的性状鉴定与综合评价研究进展[J].花生科技,1999(增刊):144-147.
- [2] Brown A H D. Core collection: A practical approach to genetic resources management[J]. Genome, 1989, 31:818-824.
- [3] 张秀荣,郭庆元,赵应忠,冯祥运,周明德.中国芝麻资源核心收集品研究[J].中国农业科学,1999,32(3):49-54.
- [4] 李自超,张洪亮,曹永生,裘宗恩,魏兴华,汤圣祥,余萍,王象坤.中国地方稻种资源初级核心种质取样策略研究[J].作物学报,2003,29(1):20-24.
- [5] 董玉琛,曹永生,张学勇,刘三才,王兰芬,游光霞,庞斌双,李立会,贾继增.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.
- [6] 邱丽娟,曹永生,常汝镇,周新安,王国勋,孙建英.中国大豆核心种质构建 I. 取样方法研究[J].中国农业科学,2003,36(12):1442-1449.
- [7] Holbrook C C, Anderson W F, Pittman R N. Selection of a core collection from the U S Germplasm collection of peanut[J]. Crop Sci, 1993, 33:859-861.
- [8] Holbrook C C, Stephenson M G, Johnson A W. Level and geographical distribution of resistance to *Meloidogyne arenaria* in the U S peanut germplasm collection[J]. Crop Sci, 2000, 40: 1168-1171.

- [9] Holbrook C C, Wilson D W, Matheron M E. Results from screening the peanut core collection for resistance to preharvest aflatoxin contamination[A]. In: Robens J, Dorner J eds. Proceeding of Aflatoxin Elimination Workshop[C]. Memphis T N 27 - 28 Oct. 1997, USDA-ARS, Beltsville M D.
- [10] Holbrook C C, Bruniard J, Moore K M. Evaluation of the peanut core collection for oil content [J]. *Agronomy Abstracts*, 1998; 159.
- [11] Upadhyaya H D, Ortiz R, Bramel P J, Singh S. Development of a groundnut core collection using taxonomical, geographical and morphological descriptors[J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2003, **50** (2) :139 - 148.
- [12] Upadhyaya H D, Bramel P J, Ortiz R, Singh S. Developing a mini core of peanut for utilization of genetic resources[J]. *Crop Sci*, 2002, **42** :2150 - 2156.
- [13] Upadhyaya H D, Nigam S N, Singh S. Evaluation of groundnut core collection to identify sources of tolerance to low temperature at germination[J]. *Indian J Plant Genet Resour*, 2001, **14** :165 - 167.
- [14] Upadhyaya H D. Phenotypic diversity in groundnut (*A. hypogaea* L.) core collection assessed by morphological and agronomical evaluations[J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2003, **50** (5) :539 - 550.