

新疆甜瓜地方品种资源核心种质构建

张永兵, 伊鸿平, 马新力, 李霖华, 吴明珠

(新疆农业科学院哈密瓜研究中心, 乌鲁木齐 830091)

摘要:新疆甜瓜地方种质资源具有丰富的遗传多样性,是新疆哈密瓜遗传改良的重要基因库。以121份新疆甜瓜地方品种为研究对象,结合按来源分组和系统聚类选择的方法,通过多重比较29个表型性状数据确定适宜的取样比例,筛选出25份地方品种为初选核心种质。在初选核心种质取样量上,人工定向补充5份优异种质和极值材料确定了核心种质,约占地方品种总数量的25%。对表型保留比例、遗传多样性指数、变异系数、表型频率方差、极差符合率、均值符合率、标准差符合率等检验参数进行了检验和评价。结果表明:调整后的核心种质除标准差符合率降低外,其余参数均优于或等于初选核心种质,更能代表原始样品;所构建的核心种质很好地保留了所有地方品种资源的遗传多样性和变异幅度。

关键词:甜瓜地方品种;新疆;核心种质;遗传多样性

Construction of Core Collection of Melon Landraces in Xinjiang

ZHANG Yong-bing, YI Hong-ping, MA Xin-li, LI Mei-hua, WU Ming-zhu

(Hami Melon Research Center, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi 830091)

Abstract: Local melon germplasm in Xinjiang is the most important resources for hami-melon genetic improvement because of its abundant genetic diversity. By combining source grouping and systematic cluster selection, an optimal sampling scale was determined after multiple comparisons of 29 phenotypic traits of the 121 melon landraces (*Cucumis melo* L.) in Xinjiang, and 25 landraces were selected as preliminary core collections. Supplemented 5 landraces with elite, and extreme traits by hand, the core collection of total landraces was conformed, and the sampling scale was about 25% lastly. 7 parameters, such as ratio of phenotype retained, genetic diversity, coefficient of variance, variance of phenotypic frequency, and conformity of extreme difference, average and standard deviation were examined between preliminary and confirmed core collection, and total landraces. The results showed that except conformity of standard deviation all parameters of confirmed core collection were more suitable than or the same as that of preliminary one, and representation of confirmed core collection was better than that of the preliminary one. The genetic diversity and variation in the core collection obtained were well presented in the total landraces.

Key words: Melon landraces; Xinjiang; core collection; genetic diversity

种质资源是农作物遗传改良和育种研究的重要基础,而数量庞大的种质资源不仅不利于对其保存和更新,更不利于对特异资源的发掘、研究和利用。作物核心种质概念的提出,为有效地保存和研究各类农作物遗传种质资源提供了一条解决途径^[1]。水稻、小麦和大豆等农作物核心种质的研究^[2-4],促

进了对这些作物特异基因资源的发掘和部分农艺性状的遗传改良。

新疆甜瓜(*Cucumis melo* L.)具有丰富的变异类型,地方品种资源数量多、分布广,新疆还发现有野生甜瓜资源^[5-6]。20世纪80年代科研人员曾对新疆甜瓜地方品种进行全面的调查,并筛选出一批农

收稿日期:2012-01-09 修回日期:2012-02-11 网络出版日期:

URL:

基金项目:新疆维吾尔自治区自然科学基金项目(200821174);博士后研究项目(92193);新疆维吾尔自治区高技术研究发展计划项目(201111119);国家西瓜产业技术体系厚皮甜瓜育种岗位(CARS-26-04)

作者简介:张永兵,博士,副研究员,从事甜瓜遗传育种与生物技术方面的研究。E-mail: luoybzhang@163.com

艺性状优良的地方品种,为当时新疆哈密瓜的新品种改良提供了保障^[5-7]。近年来,虽然对新疆甜瓜地方品种资源进行了遗传多样性的研究^[8-10],但有关新疆甜瓜地方品种核心种质的研究却鲜见报道。本研究以新疆农业科学院哈密瓜研究中心收集、保存的新疆甜瓜地方品种为试验材料,观察记录了29个形态学性状的数据,通过系统聚类取样的方法,构建并检验了新疆甜瓜地方品种的核心种质,为进一步发掘甜瓜优异基因资源和提高我国甜瓜育种研究水平奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

对121份新疆甜瓜地方品种按照来源进行分组(表1)。各地方品种随机区组种植,单行区,每行定植10株,行距3.5 m,株距0.4 m,重复2次。每个小区随机取5株调查和测量田间性状,果实成熟时每个地方品种至少采收3个果实进行调查和测量。所有地方品种资源的种子均由新疆农业科学院哈密瓜研究中心提供。

表1 地方品种来源及数量

Table 1 Source and amount of landraces

编号 Code	来源地 Source	数量 Amount
1	吐鲁番	33
2	喀什	34
3	和田	17
4	巴州	14
5	阿克苏	7
6	北疆	5
7	哈密	4
8	其他	7

1.2 方法

1.2.1 形态性状数据调查 按照《甜瓜种质资源描述规范和数据标准》^[11]统一规范各形态性状,参照 Sensoy 等^[12]的方法测量和记录29个形态性状数据。测量的12个数量性状包括:叶片长度(第10~12节)、叶柄长度(第10~12节)、雄花花冠大小、节间长度(第10~12节)、主蔓粗度(第5节)、果实长度、果柄长度、果脐大小、果肉厚度、可溶性固形物含量、果实质量、蔓分支数;调查的17个质量性状包括:裂果率、果柄脱落性、果皮香气、果皮覆纹、果面网纹、果面皱纹、叶片颜色、雄花数量、成熟前果皮底

色、果皮底色、果皮底色强度、果实顶部形状、外果肉颜色、外果肉颜色强度、果肉质地、果肉风味和种皮底色。叶片、茎、花及果实等的长度和直径用直尺测量,重量用电子秤(型号 ACS-30)测量,可溶性固形物含量用手持测糖仪(型号 DR-103)测量。

1.2.2 核心种质的抽取和检验 按地方品种来源进行分组,取样比例设10%、15%、20%、25%、30%及35%6级,采用 Euclidean 遗传距离进行系统聚类取样,初步选出核心种质。用表型保留比例(ratio of phenotype retained, RPR)、表型频率方差(variance of phenotypic frequency, VPF)、Shannon-Wavera 遗传多样性指数(index of genetic diversity, I)、变异系数(coefficient of variance, CV)4个参数检验初选核心样品,人为调整并确定核心种质后,用以上4个参数和极差率、均值符合率、标准差符合率共7个参数评价所构建的核心种质。

1.2.3 数据分析 参照 Stepansky 等^[13]的方法,将数量性状数据转化为3~5级的标准数据。除裂果率、果柄脱落性、果皮香气、果皮覆纹、果面网纹、果面皱纹等6个性状以0、1形式记录外,其他质量性状参照 Sensoy 等^[12]的方法以3~5级进行记录。采用非加权类平均法(UPGMA)对 Euclidean 遗传距离进行聚类分析。Euclidean 遗传距离和 UPGMA 聚类分析均在 NTsys2.10e 软件下运行。其余各检验参数和方差分析均在 SPSS11.5 软件下完成。

参照陈雨等^[14]的方法计算 RPR、VPF、I、CV、和极差符合率、均值符合率、标准差符合率等检验参数。

2 结果与分析

2.1 总体取样规模比较

由于适合不同作物不同群体的核心样品的取样规模各不相同,因此利用4个最具代表性的检验参数,即表型保留比例、Shannon-Wavera 遗传多样性指数、变异系数和表型频率方差对6个取样规模下的初选核心样品进行比较分析,确定适宜的取样比例(图1)。

表型保留比例表示核心种质中所保留表型值的数量与原始样品中表型总量的比例,在一定程度上表现了所保留变异的丰度,RPR值越大,表明核心种质中包含的变异越丰富。结果表明,取样规模在25%以上时表型保留比例都达到了99%,取样规模小于25%时表型保留比例逐渐下降。

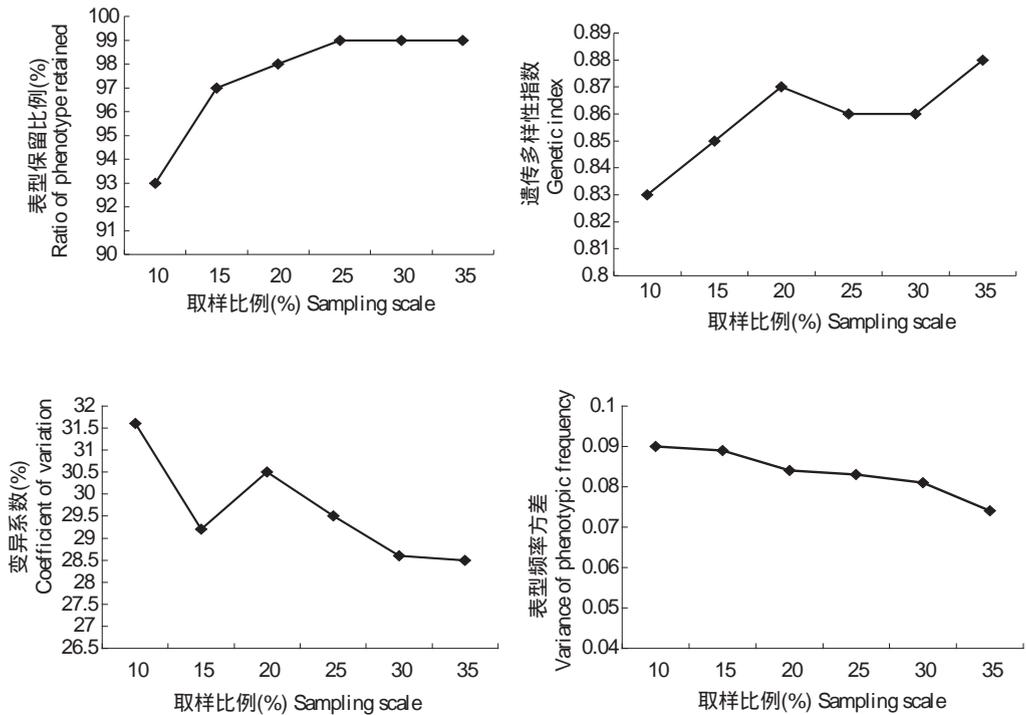


图 1 不同取样比例 4 种检验参数的比较

Fig. 1 Comparison of 4 test parameters in different sampling scales

Shannon-Wavear 遗传多样性指数是多样性估计的综合性参数,不仅能够估计核心种质遗传多样性的大小,还能估计其实用性。I 值越大,表明所选核心样品中变异类型越丰富,变异的均度越高,所代表的方法越好。结果表明,当取样规模为 35% 时遗传多样性指数最大,20% 时遗传多样性指数略小,25% 和 30% 时次之,10% 的取样规模下遗传多样性指数最小。

变异系数在一定程度上表现各种表型的分布情况,可以估计核心种质中各数量性状的均度。CV 越大,表明所选核心样品中数量性状的分布越均匀,遗传冗余度越小。结果表明,原始样品的变异系数为 27.5%,6 个取样规模下核心样品的变异系数分别为 31.6%、29.2%、30.5%、29.5%、28.6% 及 28.5%,变异系数随着取样规模的增加总体呈下降

趋势。

表型频率方差在一定程度上表现各表型的分布情况,揭示样品群体的异质性,可以估计核心种质的均度。VPF 值越小,表明所选核心样品中各个性状的分布越均匀,所代表的方法越好。结果表明,原始样品的表型频率方差为 0.1,6 种取样规模下表型频率方差分别为 0.09、0.089、0.084、0.083、0.081 及 0.074,随着取样规模的增加,表型频率方差趋于缓慢降低。

分别就以上 4 个检验参数对 6 种取样规模进行多重比较和排序(表 2)。多重比较后,尽管取样规模为 35% 时排序最高,但在核心样品的群体数量、遗传多样性丰度、质量性状和数量性状均度、遗传冗余度等综合因素下,取样规模为 20% 时,初选核心样品的综合表现较佳。

Table 2 Rank of different sampling scales by multiple comparison of 4 test parameters

取样比例(%) Sampling scale	表型保留比例 RPR	遗传多样性指数 I	变异系数 CV	表型频率方差 VPF	综合 Synthesis
10	4	5	1	6	4
15	3	4	4	5	4
20	2	2	2	4	2
25	1	3	3	3	2
30	1	3	5	2	3
35	1	1	6	1	1

2.2 核心种质的评价

2.2.1 核心种质的确定 按地方品种来源分组后,对组内地方品种间的 Euclidean 遗传距离进行系统聚类取样,取样规模为 20% 时,选出 25 个地方品种为初选核心样品。人为定向补充了 5 份具有优良性状和极值的地方品种后,确定并构建出新疆甜瓜地

方品种资源的核心种质。对初选核心样品与确定核心种质的 7 个参数进行比较后,核心种质的标准差符合率略有降低,遗传多样性指数和表型频率方差相同,其余 4 个参数均有不同程度地增加,调整后的核心种质更能代表原始样品的遗传多样性和变异幅度(表 3)。

表 3 初选核心样品与核心种质 7 个参数的比较

Table 3 Comparison of 7 parameters between preliminary core samples and core collection

入选样品 Sample selected	表型保留比例(%) RPR	遗传多样性指数 I	变异系数(%) CV	表型频率方差 VPF	极差符合率(%) CR	均值符合率(%) Conformity of average	标准差符合率(%) Conformity of standard deviation
初选 Primary	98	0.87	29.5	0.084	74.9	93.4	92.2
确定 Conform	99	0.87	31.6	0.084	89.5	95.5	87.0
原始 Total	100	0.81	27.5	0.1	100	100	100

2.2.2 表型保留比例 分析了 29 个表型性状,除了果肉厚度外均包含于确定的核心种质内。核心种

质保留了原始样品 90 个表型分级性状中的 89 个,保留比例达到 99% (图 2)。

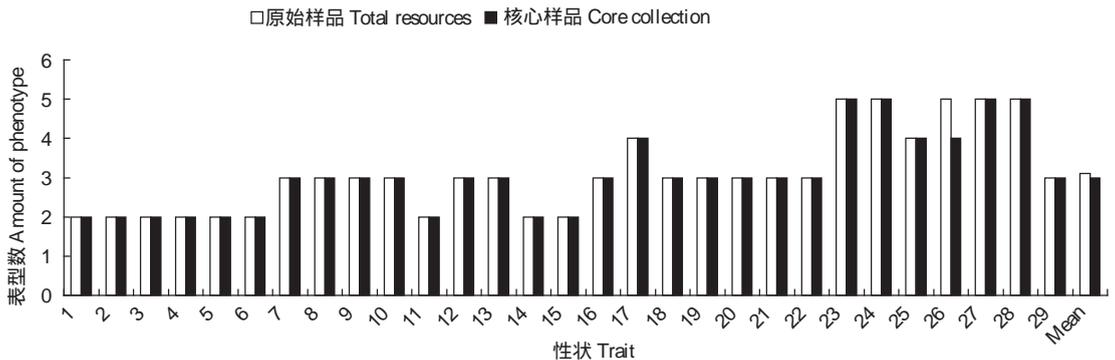


图 2 表型性状保留数量

Fig. 2 Amount of phenotype retained

1: 裂果率; 2: 果柄脱落性; 3: 果皮香气; 4: 果皮覆纹; 5: 果面网纹; 6: 果面皱纹; 7: 叶片颜色; 8: 雄花数量; 9: 成熟前果皮底色; 10: 果皮底色; 11: 果皮底色强度; 12: 果实顶部形状; 13: 外果肉颜色; 14: 外果肉颜色强度; 15: 果肉质地; 16: 果肉风味; 17: 种皮底色; 18: 叶片长度; 19: 叶柄长度; 20: 雄花花冠大小; 21: 节间长度; 22: 主蔓粗度; 23: 果实长度; 24: 果柄长度; 25: 果脐大小; 26: 果肉厚度; 27: 可溶性固形物含量; 28: 果实质量; 29: 蔓分支数

1: Splitting, 2: Abscission of peduncle, 3: External aroma, 4: Strip or spot on fruit, 5: Cork formation on fruit, 6: Creasing of fruit surface, 7: Green color of leaf blade, 8: Male flower density, 9: Ground color of fruit skin before maturity, 10: Color of fruit skin at maturity, 11: Color intensity of fruit skin at maturity, 12: Shape of fruit apex, 13: Main color of fruit flesh, 14: Main color intensity of fruit flesh, 15: Texture, 16: Taste, 17: Seed color, 18: Leaf length, 19: Petiole length, 20: Male flower diameter, 21: Length of nodes on main stem, 22: Main stem thickness, 23: Fruit length, 24: Peduncle length, 25: Size of pistil scar, 26: Thickness of fruit flesh, 27: Total soluble solid content, 28: Fruit weight, 29: Number of branches

2.2.3 遗传多样性指数 确定的核心种质和原始样品的平均遗传多样性指数分别为 0.87 和 0.81。所统计的 29 个表型性状中,确定的核心种质中除果皮香气、果皮覆纹、果面皱纹、果皮底色、果皮底色强度、外

果肉颜色、外果肉颜色强度、果肉质地、果实长度、果脐大小等 10 个性状的遗传多样性指数略小于或等于原始样品外,其余 19 个性状均大于原始样品。可见确定的核心种质变异类型丰富,变异均度明显提高(图 3)。

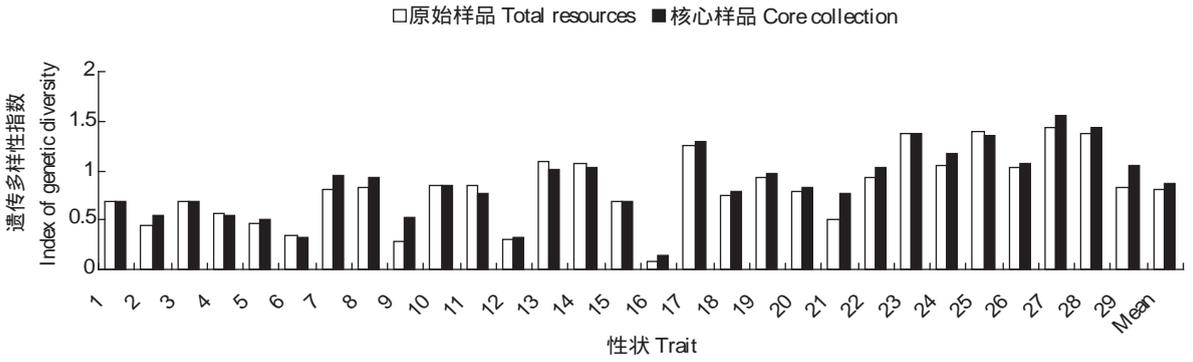


图 3 遗传多样性指数

Fig. 3 Index of genetic diversity

2.2.4 表型频率方差 统计的 29 个表型性状中, 最终确定的核心种质中除果皮香气、果面皱纹、果皮底色、果皮底色强度、外果肉颜色、外果肉颜色强度、果实长度、果脐大小等 8 个性状的表型频率方差大

于或等于原始样品外,其余 21 个性状的表型频率方差均小于原始样品。确定的核心种质和原始样品的平均表型频率方差分别为 0.084 和 0.1,核心种质总体遗传冗余度明显小于原始样品(图 4)。

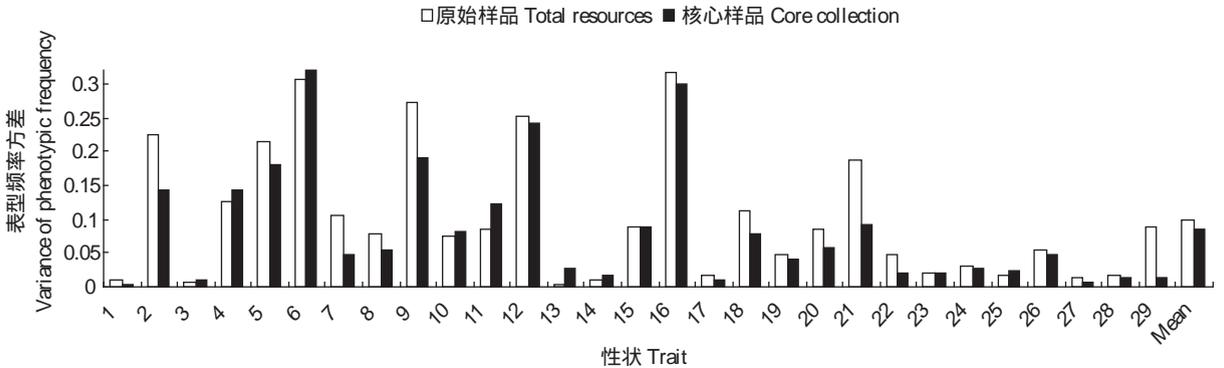


图 4 表型方差频率

Fig. 4 Variance of phenotypic frequency

2.2.5 数量性状 对调查的 12 个数量性状进行统计分析,计算了各性状平均值、标准差、极差,并比较了确定核心种质与原始样品 3 个值的符合程度(表 4)。结果显示,各性状均值符合率都在 90% 以上,极差符合率中除叶柄长度较低外其余均在 80% 以

上,标准差符合率中大多数性状都在 80% 以上。核心种质数量性状对原始样品的平均极差符合率和标准差符合率约为 90%,均值符合率达 95.5%。由此可见,确定的核心种质对原始样品数量性状的变异幅度具有较好的代表性。

表 4 数量性状极差、均值、标准差的符合率

Table 4 The conformity of extreme difference, average and standard deviation of qualitative traits

性状 Trait	极差 Range			均值 Average			标准差 s		
	原始样品 Total resources	核心样品 Core collection	符合率 (%) Conformity	原始样品 Total resources	核心样品 Core collection	符合率 (%) Conformity	原始样品 Total resources	核心样品 Core collection	符合率 (%) Conformity
叶片长度 (cm) Leaf length	12.8	11.0	85.9	13.0	13.2	98.6	2.1	2.3	91.7
叶柄长度 (cm) Petiole length	35	18.3	52.3	22.2	21.1	94.9	4.9	4.5	92.7
雄花花冠大小 (cm) Male flower diameter	2.7	2.3	85.2	2.7	2.8	96.8	0.4	0.4	100.0

表 4(续)

性状 Trait	极差			均值 Average			标准差		
	原始样品 Total resources	核心样品 Core collection	符合率(%) Conformity	原始样品 Total resources	核心样品 Core collection	符合率(%) Conformity	原始样品 Total resources	核心样品 Core collection	符合率(%) Conformity
节间长度(cm) Length of nodes on main stem	10.4	9.5	91.3	7.0	7.2	97.8	1.4	1.7	77.6
主蔓粗度(cm) Main stem thickness	1.3	1.2	92.3	1.3	1.2	96.7	0.2	0.2	100.0
果实长度(cm) Fruit length	46.3	46.3	100.0	26.2	25.6	97.9	7.1	8.6	78.1
果柄长度(cm) Peduncle length	6.1	6.1	100.0	3.2	3.2	100.0	0.9	1.0	89.1
果脐大小(cm) Size of pistil scar	8.8	7.1	80.7	2.2	2.0	93.8	1.5	1.6	97.1
果肉厚度(cm) Thickness of fruit flesh	5.6	5.6	100.0	4.1	3.9	94.7	0.8	1.0	76.8
可溶性固形物含量(%) Content of total soluble solid	13.0	12.8	98.5	10.5	9.6	90.8	2.6	2.9	89.8
果实质量(kg) Fruit weight	6.3	6.3	100.0	2.9	2.7	92.5	1.1	1.3	85.7
蔓分支数 No. of branches	8.0	7.0	87.5	3.7	4.0	92.0	1.0	1.4	65.1
平均 Mean			89.5			95.5			87.0

3 讨论

甜瓜是葫芦科(*Cucurbitaceae*)甜瓜属(*Cucumis*)中遗传变异最大的一个种,其形态性状的遗传差异非常大,使其分类研究仍无定论^[15]。20世纪80年代科研人员曾对新疆甜瓜地方品种进行全面的调查,根据果实的成熟期将地方资源划分为4个变种^[6-7]。然而,近期的研究表明以往对新疆甜瓜地方品种的分类依据单一,分类结果并不能客观反映这些地方品种的遗传分化^[10,16]。因此,本研究按照地方品种的原分布地区将原始样品分组,在组内取样组成核心子集并构建核心种质,使其更大程度地保存了原始样品空间及遗传上的分布结构。相关研究表明,对我国茶树和杏树资源核心种质研究中,在缺乏系统分类信息的情况下,按照资源的原生态区域分组后取样构建的核心种质最具代表性^[17-18]。

确定合理的取样比例是构建作物核心种质的重要环节,在不同作物种质资源核心种质构建中没有固定的取样比例,往往需要根据作物种类和原始样品群体的大小进行调整,核心种质的比例一般为原

始样品群体的5%~30%。李自超等^[19]认为,核心种质所占总资源的比例应根据总资源群体的大小来决定,总资源数量多的物种其核心种质所占的比例可小一些,反之其核心种质所占比例可相对大一些。李自超等^[19]构建我国地方稻种资源核心种质研究中,原始群体为50526样品,得到的核心种质为4000样品,取样比例约为8%。徐海明等^[20]构建的棉花核心种质,其原始群体只有168个样品,取样比例高达30%。

本研究中,15%的初选核心样品在表型上达到97%的保留比例,并且遗传多样性指数和变异系数明显比原始样品增大。在充分保证没有明显遗传多样性丢失的情况下,以20%的比例初选新疆甜瓜地方品种资源的核心种质25份,初选的核心种质在表型上保留了原始资源多样性的98%。此外,通过人工定向取样,补充了优异种质和极值材料确定了核心种质,使其总数达到30份,约占原始样品总数的25%,最终确定的核心种质更大程度地代表了原始地方品种资源的遗传多样性。新疆甜瓜地方品种资源核心种质的构建,对于有

效地保存和利用地方种质资源并实现甜瓜的遗传改良具有重要的意义。

参考文献

- [1] Frankel O H, Brown A H D. Current plant genetic resources-a critical appraisal [M]. Genetics; New Frontiers Vol. IV. New Delhi, India; Oxford and IBH Publishing, 1984:1-11
- [2] 金铭路, 杨春刚, 余腾琼, 等. 中国水稻微核心种质不同生育时期耐冷性鉴定及其相关分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(4):540-546
- [3] Hao C Y, Zhang X Y, Wang L F, et al. Genetic diversity and core collection evaluation in common wheat germplasm from the northwestern spring wheat region in China [J]. Mol Breed, 2006, 17:69-77
- [4] 胡国玉, 张磊, 张丽亚, 等. 国家大豆核心种质在黄淮夏播生态区的农艺性状及适应性初探 [J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(3):448-452
- [5] 吴明珠. 吐鲁番盆地厚皮甜瓜品种资源及其利用 [J]. 中国果树, 1982(2):28-33
- [6] 新疆甜瓜西瓜资源调查组. 新疆甜瓜西瓜志 [M]. 乌鲁木齐: 新疆人民出版社, 1985:36-45
- [7] 王坚. 中国西瓜甜瓜 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2000: 357-368
- [8] 姚国新, 刘玲, 郭永强, 等. 利用 RAPD 标记分析甜瓜种质资源遗传多样性 [J]. 首都师范大学学报, 2006, 27(5):56-60
- [9] 徐志红, 徐永阳, 刘君璞, 等. 甜瓜种质资源遗传多样性及亲缘关系研究 [J]. 果树学报, 2008, 25(4):552-558
- [10] 陈芸, 李冠, 王贤磊. 甜瓜种质资源遗传多样性的 SRAP 分析 [J]. 遗传, 2010, 32(7):744-751
- [11] 马双武, 刘君璞. 甜瓜种质资源描述规范和数据标准 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2006:3-9
- [12] Sensoy S, Büyükalaca S, Abak K. Evaluation of genetic diversity in Turkish melons (*Cucumis melo* L.) based on phenotypic characters and RAPD markers [J]. Genet Res Crop Evol, 2007, 54: 1351-1365
- [13] Stepansky A, Kovalski I, Perl-Treves R. Intraspecific classification of melons (*Cucumis melo* L.) in view of their phenotypic and molecular variation [J]. Plant Syst Evol, 1999, 217:313-332
- [14] 陈雨, 潘大建, 刘斌, 等. 华南地方稻种资源初级核心种质构建 [J]. 植物遗传资源学报, 2008, 9(3):322-327
- [15] Tanaka K, Nishitani A, Akashi Y, et al. Molecular characterization of South and East Asian melon, *Cucumis melo* L., and the origin of Group Conomon var. *makuwa* and var. *conomon* revealed by RAPD analysis [J]. Euphytica, 2007, 153:233-247
- [16] 张永兵, 李霖华, 吴海波, 等. 新疆甜瓜地方品种资源的表型遗传多样性 [J]. 园艺学报, 2012, 39(2):305-314
- [17] 王新超, 刘振, 姚明哲, 等. 中国茶树初级核心种质取样策略 [J]. 茶叶科学, 2009, 29(2):159-167
- [18] 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
- [19] 李自超, 张洪亮, 曹永生, 等. 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
- [20] 徐海明, 邱英雄, 胡晋, 等. 不同遗传距离聚类和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