

割手密初级核心种质取样策略研究

苏火生^{1,2}, 刘新龙^{1,2}, 毛钧^{1,2}, 应雄美^{1,2}, 陆鑫^{1,2}, 马丽^{1,2}, 范源洪^{1,2}, 蔡青^{1,3*}

(1.云南省农业科学院 甘蔗研究所, 云南 开远 661600; 2.云南省甘蔗遗传改良重点实验室, 云南 开远 661600; 3.云南省农业科学院 生物技术与种质资源研究所, 云南 昆明 650223)

摘 要:以国家甘蔗种质资源圃中 596 份割手密为研究对象, 根据 21 个质量性状和 6 个数量性状, 从分组原则、组内取样比例、组内取样方法 3 个层次探讨构建割手密初级核心种质的最佳取样策略, 共形成 50 种取样策略; 同时设 10 个总体取样量梯度, 确定最佳的总体取样量。分组原则以采集地、海拔、茎径、纬度、生态区域、总体聚类进行分组及不分组的大随机; 组内取样比例按组内个体数量的简单比例、平方根比例、对数比例和多样性比例确定; 组内取样方法采用聚类和随机 2 种方法; 10 个总体取样量梯度为 5%、10%、15%、20%、25%、30%、35%、40%、45%和 50%, 应用变异系数、遗传多样性指数、表型保留比例、表型频率方差、表型方差等 5 个参数的主成分综合得分来检验各取样策略的优劣。结果表明, 聚类取样优于随机取样; 采集地分组和茎径分组都优于其他分组, 组内取样比例以多样性比例最好; 根据取样策略及总体取样量的分析结果最终确认, 按 15%总体取样量、以茎径分组、按多样性比例在组内聚类取样为构建割手密初级核心种质的最佳策略组合。在此初级核心种质的基础上, 加入取样极易丢失表型性状的材料共计 92 份, 组成最终初级核心种质, 占总资源的 15.44%。建立的初级核心种质库的遗传多样性、变异系数、表型频率方差、表型方差均明显优于总资源库, 表型保留比例达 100%, 能较好代表总资源库。

关 键 词: 割手密; 初级核心种质; 取样策略; 甘蔗

中图分类号: S566.102 文献标志码: A 文章编号: 1007-1032(2011)03-0253-07

Sampling strategy of pre-core collection for *Saccharum spontaneum*

SU Huo-sheng^{1,2}, LIU Xin-long^{1,2}, MAO Jun^{1,2}, YING Xiong-mei^{1,2}, LU Xin^{1,2}, MA Li^{1,2},
FAN Yuan-hong^{1,2}, CAI Qing^{1,3*}

(1.Sugarcane Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kaiyuan, Yunnan 661600, China; 2.Yunnan Key Laboratory of Sugarcane Genetic Improvement, Kaiyuan, Yunnan 661600, China; 3.Biotechnology and Genetic Resources Institute, Yunnan Academy of Agriculture Sciences, Kunming 650223, China)

Abstract: Five hundred and ninety-six *Saccharum. spontaneum* L. were selected to investigate the best sampling strategy for pre-core collection. Based on 21 quantitative and 6 qualitative traits, 50 sampling procedures were established concerning grouping principles, sampling proportions within group, selection methods within group. First grouping or non-grouping was determined based on collecting region, altitude, stalk diameter, latitude, zoology region and cluster. Then sampling within group was set up based on simple proportion, logarithmic proportion, square root proportion and genetic proportion. And random and cluster selection was applied for sampling within group. At the same time, 10 grads for sampling (5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, and 50%) from total resource were analyzed to decide the best sampling grad. The sampling strategies were evaluated according to comprehensive score based on indices of

收稿日期: 2010-09-29

基金项目: 国家科技支撑计划项目(2007BAD30B02); 云南省应用基础研究计划重点项目(2006C0013Z); 国家科技基础条件平台项目子专题(2007DKA21002-11); 农业部作物种质资源保护项目(NB08-2130135-17)

作者简介: 苏火生(1980—), 男, 四川简阳人, 硕士, 研究实习员, 主要从事甘蔗种质资源保存与分子生物技术研究, shs304@163.com;

*通信作者, caiqingysri@163.com

genetic diversity, variance of phenotypic value, variance of phenotypic frequency, coefficient of variation and ratio of phenotypic traits retained. The results showed that cluster sampling was better than the random sampling, collecting regions grouping and stalk diameter grouping were the best grouping and genetic proportion was the best sampling proportions within group. Finally, after analyzing 50 sampling strategies and 10 sampling grads, sampling based on stalk diameter grouping, genetic proportion and cluster sampling combined with sampling grad of 15% was confirmed to be the optimal sampling strategy for pre-core collection. A pre-core collection contained 92 samples including 5 additional ones with the rare phenotypic traits was established according to the best sampling strategy, which accounted for 15.44% of total resources. The genetic diversity, variance coefficient, variance of phenotypic frequency and variance of phenotypic value of this pre-core collection were better than that of the total resource and ratio of phenotypic traits retained came to 100%, which suggests the pre-core collection could preferably represent the total resource.

Key words: *Saccharum spontaneum* L.; pre-core collection; sampling strategy; sugarcane

割手密(*Saccharum spontaneum* L.)是甘蔗遗传育种中最重要的野生血缘供体亲本,现代甘蔗品种有15%~20%的血缘来源于割手密^[1-2]。割手密在中国分布广泛,类型丰富,国家甘蔗种质资源圃保存有来自中国9个省(区)和其他4个国家不同生态类型的割手密资源近600份,是宝贵的甘蔗野生资源基因库。有效保存和利用割手密资源,建立割手密资源的核心种质库,对优良基因的发掘和利用具有重要的指导意义。到目前为止,在油菜等^[3-28]一系列作物中已构建了核心种质,极大地促进了相关作物的管理和资源的利用。在甘蔗种质资源方面, Tail等^[29]以USDA-ARS国家资源圃342份割手密为材料,构建了由75份材料组成的核心库; Balakrishnan等^[30]构建了印度Cannanore甘蔗育种中心的热带种(*S. officinarum*)资源的核心库,刘新龙等^[31]以国家甘蔗种质资源圃内保育的1202份甘蔗品种为材料,构建了由136份材料组成的核心库。笔者采用不同分组原则、不同组内取样比例、不同取样方法、不同总体取样量对国家甘蔗种质资源圃割手密资源进行核心种质取样策略分析,以期确定构建割手密核心资源的最佳方案,使所构建的核心种质能较好地代表总资源的最大遗传多样性。

1 材料与方法

1.1 材料

以国家甘蔗种质资源圃内保存的596份割手密无性系为研究对象,根据数据库系统中每份资源的基本情况(采集地、纬度、海拔、生态区域)、形态(茎、叶、花等)特征和农艺性状(锤度、株高、茎径等)等数据作为研究内容,按照《甘蔗种质资源描述规范和数据标准》^[32]进行规范和标准化整理,所用性状包括气生根、茎形、节间形状、曝光前后节间

颜色、节间长度、蜡粉带、木栓、生长裂缝、生长带形、根点排列、芽形、芽沟、叶姿、叶色、脱叶性、57号毛群、内叶耳、外叶耳、花序形状、花序颜色等21个质量性状和改正锤度、甘蔗纤维分、甘蔗糖度、筒纯度、株高、茎径等6个数量性状,数量性状质量化时以0.5个标准为间距分为10组。

1.2 方法

根据核心种质的概念及前人研究结果^[25,27,33],选择保类和保序性高、检验有效的5个参数作为评价初级核心库的指标,即遗传多样性指数(Shannon's-Wiener指数, I)、表型保留比例(ratio of phenotype retained, RPR)、变异系数(coefficient of variation, CV)、表型频率方差(variance of phenotypic frequency, VPF)、表型方差(variance of phenotypic value, VPV)^[33],从分组原则、组内取样比例、组内取样方法3个层次探讨构建割手密初级核心种质的最佳取样策略。分组原则按照采集地分组(AZ, 13组)、海拔分组(BZ, 6组)、茎径分组(CZ, 5组)、纬度分组(DZ, 7组)、生态区域分组(EZ, 7组)、总体聚类分组(FZ, 3组)及不分组(NZ)的大随机;分组后的组内取样比例,采用按组内个体数量的简单比例法(P)、平方根比例法(S)、对数比例方法(L)和多样性比例法(G)4种方法;组内取样方法采用随机取样(R)和聚类取样(C),3个层次共组合成50种取样策略。为避免主要生物类型的遗漏,每个分组内至少保证有1份样品入选。为探讨合适的总体取样量,设10个梯度,即5%、10%、15%、20%、25%、30%、35%、40%、45%、50%进行比较分析,每种方法组合设3个重复。

初级核心种质及其5个参数的获得在Foxpro 6.0系统下编程实现。为了更充分地反映出各因素中起

主导作用的综合指标,使用 SPSS15.0 对 5 个参数进行主成分分析,根据主成分得分系数矩阵和主成分得分函数表达式,计算出主成分得分后,按文献 [34]的方法计算综合得分 E , $E=b_1y_1+b_2y_2+\dots+b_ny_n$, 式中: b_n 为第 n 个主成分对应的方差贡献率; y_n 为第 n 个主成分的得分。再根据主成分综合得分比较各分组间、组内取样比例间、组内取样方法间及取样策略的优劣。

2 结果与分析

2.1 分组原则比较

将累积贡献率 85%作为主成分纳入标准^[35], 可将 5 个原始指标归纳为 2 个主成分,其累积贡献率为 92.03%,说明这 2 个主成分可以概括大部分原始信息。根据主成分得分系数矩阵(表略),可得到主成分得分函数表达式: $y_1=0.274x_1 - 0.168x_2 + 0.237x_3+0.239x_4+0.25x_5$, $y_2=0.045x_1+0.739x_2 - 0.35x_3+0.42x_4+0.378x_5$ 。

式中: y 表示主成分得分; x_1 、 x_2 、 x_3 、 x_4 、 x_5 分别表示经标准化处理后的多样性指数、表型频率方差、表型保留比率、表型方差、变异系数。将数据分别代入上述公式可得 2 个主成分的得分值(表 1)。各分组原则综合得分函数表达式为 $E=0.718 22y_1+0.202 12y_2$ 。以综合得分大小进行排序,综合得分越高,表明按其分组原则构建的核心种质库就越理想。由表 1 可知,各分组原则优劣依次为采集地分组、茎径分组、生态区域分组、总体聚类分组、海拔分组、不分组、纬度分组。从主成分综合得分上看,采集地分组和茎径分组都是较优的分组原则,能比较准确地反映资源本身的遗传结构。

表 1 50 种取样策略中分组原则的综合得分

Table 1 Comprehensive score rank of grouping principle in 50 sampling strategies

分组原则	主成分得分		综合得分	位次
	y_1	y_2		
采集地分组	1.538	-1.359	0.830	1
茎径分组	0.648	1.498	0.768	2
生态区域分组	0.533	-0.297	0.323	3
总体聚类分组	0.117	0.968	0.279	4
海拔分组	-0.731	0.101	-0.505	5
不分组	-0.759	0.023	-0.540	6
纬度分组	-1.345	-0.934	-1.155	7

2.2 组内取样比例的比较

组内取样比例主成分分析,共有 2 个主成分入选,其累积贡献率为 97.06%,主成分得分函数表达式 $y_1=0.263x_1 - 0.143x_2+0.224x_3+0.265x_4+ 0.258x_5$, $y_2=0.235x_1+0.67x_2 - 0.424x_3+0.15x_4+0.279x_5$ 。综合得分函数表达式: $E=0.723 04 y_1+0.247 54 y_2$ 。

根据表 2 不同组内取样方法,4 种组内取样比例的综合得分高低依次是多样性比例、对数比例、平方根比例、简单比例。多样性比例得分最高,多样性比例在组内取样比例中均最好,表明多样性比例取样能够最大程度地保留原资源库的遗传变异。

表 2 50 种取样策略中组内取样比例的综合得分

Table 2 Comprehensive score of sampling proportion within group in 50 sampling strategies

组内取样比例	主成分得分		综合得分	位次
	y_1	y_2		
多样性比例	0.708	1.322	0.839	1
对数比例	0.584	-0.906	0.198	2
平方根比例	0.168	-0.623	-0.033	3
简单比例	-1.460	0.207	-1.004	4

2.3 取样方法比较

取样方法的主成分分析,共有 1 个主成分入选,其贡献率为 100%,主成分得分函数表达式: $y_1=0.2x_1 - 0.2x_2+0.2x_3+0.2x_4+0.2x_5$;综合得分函数表达式: $E= y_1$ 。

聚类取样综合得分为 0.707,随机取样综合得分为 -0.707。表明聚类取样优于随机取样。聚类可以将遗传相似的材料归为 1 类,同时将相似的材料剔除,从而最大程度地降低遗传冗余,保证原始资源库的遗传结构。

2.4 取样策略的比较

取样策略的主成分分析,共有 2 个主成分入选,其累积贡献率为 87.92%。主成分得分函数表达式: $y_1=0.32x_1 - 0.1x_2+0.209x_3+0.303x_4+0.296x_5$, $y_2= 0.01x_1+0.604x_2 - 0.456x_3+0.244x_4+0.267x_5$ 。综合得分函数表达式: $E=0.595 y_1+0.286 47 y_2$ 。

从表 3 可以看出,比总资源库优异的取样策略有 49 个,占有所有取样策略的 98%,其中与聚类取样和多样性比例组合的取样策略普遍靠前,在所有的取样策略中,以茎径分组按多样性比例聚类取

样(CZ-G-C)综合得分最高,为分组原则、组内取样比例和取样方法的最佳组合,是割手密初级核心种

质构建的最佳取样策略。

表3 50种取样策略的综合得分

Table 3 Average rank of 50 sampling strategies

取样策略	主成分得分		综合得分	位次	取样策略	主成分得分		综合得分	位次
	y ₁	y ₂				y ₁	y ₂		
CZ-G-C	1.823	1.716	1.568	1	FZ-P-C	-0.143	0.128	-0.049	27
FZ-G-C	1.393	1.198	1.166	2	BZ-P-C	0.058	-0.405	-0.079	28
AZ-G-C	1.667	0.377	1.098	3	EZ-S-C	0.458	-1.297	-0.093	29
CZ-L-C	1.702	0.204	1.070	4	CZ-P-C	-0.037	-0.261	-0.096	30
CZ-G-R	0.870	1.876	1.046	5	DZ-P-C	-0.224	0.059	-0.117	31
AZ-L-C	1.863	-0.449	0.982	6	AZ-S-R	0.395	-1.354	-0.146	32
FZ-S-C	0.814	0.983	0.761	7	AZ-L-R	0.369	-1.310	-0.149	33
CZ-S-C	1.146	0.252	0.753	8	FZ-S-R	-0.568	0.190	-0.284	34
CZ-L-R	0.392	1.464	0.645	9	DZ-G-C	-0.410	-0.449	-0.370	35
FZ-L-C	0.999	-0.018	0.589	10	EZ-P-R	-0.953	0.451	-0.440	36
EZ-G-C	1.175	-0.439	0.576	11	DZ-S-C	-0.304	-0.939	-0.445	37
BZ-G-C	0.315	1.090	0.494	12	AZ-P-R	-0.297	-1.080	-0.481	38
EZ-G-R	0.429	0.753	0.467	13	BZ-L-R	-1.012	0.291	-0.520	39
AZ-P-C	0.718	-0.091	0.402	14	BZ-G-R	-1.203	0.421	-0.597	40
FZ-G-R	0.053	1.105	0.343	15	DZ-L-C	-0.592	-0.915	-0.610	41
AZ-S-C	0.937	-0.872	0.312	16	NZ-P-R	-1.145	-0.014	-0.685	42
AZ-G-R	0.830	-0.959	0.224	17	FZ-P-R	-1.404	0.527	-0.687	43
BZ-S-C	0.398	-0.087	0.212	18	DZ-S-R	-1.376	0.314	-0.730	44
EZ-L-C	0.785	-1.004	0.185	19	BZ-P-R	-1.398	0.298	-0.748	45
CZ-S-R	-0.265	1.055	0.139	20	BZ-S-R	-1.500	0.480	-0.757	46
EZ-S-R	-0.049	0.510	0.115	21	DZ-P-R	-1.719	0.270	-0.947	47
NZ-P-C	-0.023	0.407	0.101	22	CZ-P-R	-1.824	0.313	-0.997	48
EZ-L-R	-0.144	0.553	0.070	23	DZ-G-R	-1.708	0.043	-1.004	49
BZ-L-C	0.198	-0.269	0.042	24	DZ-L-R	-1.835	-0.630	-1.269	50
FZ-L-R	-0.063	0.156	0.007	25	总资源库	0.343	-4.514	-1.066	
EZ-P-C	0.065	-0.124	0.003	26					

2.5 总体取样量比较

交互方差分析表明,分组原则、组内取样比例、总体取样量之间存在显著的交互效应。刘新龙等^[31]认为,当上述因子之间交互效应显著时,忽略取样策略,采用不同总体取样量梯度下5个参数的平均值来确定最佳总体取样量是不可取的,应该在最优取样策略下比较5个参数在不同总体取样量梯度下的优劣来确定最佳总体取样量,才能最大限度地保证核心库对总资源库的代表性。在最佳取样策略(CZ-G-C)下,总体取样量的主成分分析中共有2个主成分入选,其累积贡献率为96.35%,主成分得分函数表达式: $y_1=0.172x_1+0.239x_2-0.217x_3+0.241x_4+0.239x_5$; $y_2=0.893x_1+0.261x_2+0.534x_3-0.144x_4-0.276x_5$ 。

综合得分函数表达式: $E=0.80315y_1+0.1603y_2$ 。

由表4的综合得分排名可知,总体取样量的优劣依次为5%、15%、10%、20%、35%、25%、50%、40%、30%、45%、总资源库,所有总体取样量梯度都优于总资源库。总体取样量5%在5个参数评价的主成分综合得分排名第1,但是表型保留比率较低,仅84.31%,丢失表型性状较多。由于初级核心种质要代表整个资源95%以上的表型保留比例^[36],所以不能以5%作为总体取样量。总体取样量15%在5个参数评价的主成分综合得分排名第2,其表型保留比率为96.60%,符合初级核心种质的要求,所以总体取样量15%为CZ-G-C取样策略中最优的总体取样量比例。

表 4 最优取样策略在不同总体取样量下的综合得分

Table 4 Comparison of different sampling ratio for five parameters in the best sampling strategies

取样策略	取样比例/%	表型保留比例/%	主成分得分		综合得分	位次
			y_1	y_2		
CZ-G-C	5	84.31	1.750	-2.146	1.062	1
	15	96.60	0.930	1.341	0.962	2
	10	90.76	1.014	-0.295	0.767	3
	20	95.80	0.118	0.741	0.213	4
	35	97.20	-0.127	0.331	-0.049	5
	25	94.96	-0.239	0.313	-0.142	6
	50	99.16	-0.279	0.452	-0.151	7
	40	97.48	-0.258	0.223	-0.172	8
	30	96.08	-0.354	0.301	-0.236	9
	45	98.32	-0.434	0.267	-0.305	10
总资源库			-2.121	-1.529	-1.949	11

为了确保所构建的初级核心种质能包含总资源库所有的表型性状,对丢失表型性状分析(表 5)表明,有 5 个表型性状(无蜡粉带、圆形芽形、五角形芽形、成行根点排列、脱叶性为自动脱离)在核心种质构建过程中丢失。由于丢失表型性状的材料在总资源库中份数很少,仅 1 或 2 份,因此在核心库取样过程中极易丢失。鉴于此,为了确保所构建核心库具有最大的表型保留比例,可将 5 个易丢失表型性状所有材料 1 或 2 份全部纳入核心库,从而使核心库的表型保留比例达到 100%,因而最终割手密初级核心库材料达到 92 份,占总资源的 15.44%,遗传多样性指数为 1.026 7,变异系数为 29.02%,表型频率方差为 0.039 3,表型保留比例 100%,参数评价明显优于总资源库。

表 5 最优取样策略 CZ-G-C 在 15%总体取样量下的表型性状丢失情况

Table 5 Phenotypic trait lost of the best pre-core collection sampling strategy CZ-G-C according to 15% sampling percentage

序号	表型性状	总份数	丢失与否
1	无蜡粉带	2	丢失
2	圆形芽形	1	丢失
3	五角形芽形	1	丢失
4	成行根点排列	1	丢失
5	脱叶性为自动脱离	1	丢失

3 讨论

a.在构建核心种质时,需要有效剔除遗传冗余,最大限度地保证原始资源库的遗传结构,必须充分考虑生物多样性的遗传层次结构,将整个材料分为互不

重叠的小组^[36]。分组标准与方法因具体种质特征及数据而异。常见分组标准及方法有按地理分组及农业生态分组、分类体系分组、单一性状分组、育种体系分组和多数数据组合分组等。花生^[17]、黍稷^[18]、西班牙大麦^[37]、芝麻^[38]的核心种质构建中,根据农业生态区组以及地理来源划分材料;Diwan 等^[39]构建一年生苜蓿及高志红等^[40]构建中国果梅的核心种质,李自超等^[25]在研究云南地方稻种资源核心种质取样方案时,都根据分类体系来划分材料;Gizlice^[41]在构建大豆祖先亲本的核心亲本和盖钧镒等^[42]在构建中国大豆亲本核心种质中,根据育种体系来划分材料;余萍等^[43]在研究中国普通野生稻初级核心种质取样策略中,根据单一性状来划分材料;因此,只有通过统计方法分析评价植物资源不同分组原则的优劣才能确定最佳的分组原则。笔者按照采集地、海拔、茎径、纬度、生态区域、总体聚类时将割手密资源分为 6 个组,通过统计分析筛选最优的分组原则。结果表明,采集地和茎径分组为较优的分组方法。范源洪等^[44]对 82 份割手密资源的 RAPD 研究表明,割手密具有明显的地域分布规律;张革民等^[45]、齐永文等^[46]对部分割手密资源数量性状的评价都表明,茎径性状具有较大的遗传变异,印证了采用采集地或茎径分组能够较好地反映割手密资源的遗传结构。

b.构建资源核心种质的关键是需要使最小的样本容量能保存最大的遗传信息。核心种质一般占整个植物资源的 5%~10% 或总量不超过 3 000 份,

遗传代表性不低于 70%比较适宜^[31]。目前,大多数植物资源核心种质取样量都在 10%左右,以 10%~13%居多。植物资源低于 1 000 份的核心样本总体取样量为 6.54%~26.04%,植物资源 1 000~3 000 份的总体取样量为 6.51%~18.18%,植物资源 3 000~7 000 份的总体取样量为 6.68%~29.40%,植物资源大于 10 000 份的总体取样量为 8.00%~14.90%^[31]。可见,在构建资源核心种质时并没有一个统一的取样量,而且在同一样本总量下,不同植物资源的核心材料的总体取样量差异也较大。刘长友等^[24]认为,核心种质占总资源的比例应根据总资源群体的大小来决定,在多样性没有明显丢失的情况下,总资源多的,取样比例可适当小一些,总资源少的,取样比例可相对大一些。笔者认为,当资源份数较庞大时,应按照 70%的遗传代表性来确定最佳的总体取样量,当资源份数较少时,应以 100%的遗传代表性来确定总体取样量。本研究结果表明,总体取样量应根据在最优取样策略下不同总体取样量梯度的检验参数与总资源库的优劣来确定,选择遗传水平优于或等于总资源库的核心库中总体取样量最小的,作为割手密核心种质资源的最佳总体取样量。同时,在最优总体取样量下,将那些在总资源库所占份数极少,取样极易丢失的特殊表型性状材料纳入核心库,可以确保所构建核心库的表型保留比例达到 100%,能够充分代表原始库的遗传多样性水平和表型变异。

c.与整个资源库相比,核心种质的数量虽然急剧减少,但极大提高了对品种资源的保存、评价和利用效率。实用性是构建核心库的初衷,更是核心库的显著特点。随着研究的深入,对资源认识的加深,应用需求的扩大以及资源收集规模的增加,核心种质需要进一步调整,才能保证核心种质的最大程度的代表性和实用性;因此,核心种质的实用性应建立在动态的基础之上。

参考文献:

- [1] D'Hont A, Grivet L, Feldmann P, et al. Characterisation of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics [J]. *Molecular and General Genetics*, 1996, 250: 405-413.
- [2] Piperidis G, D'Hont A. Chromosome composition analysis of various *Saccharum* interspecific hybrids by genomic in situ hybridization (GISH) [J]. *International Society Sugar Cane Technologists*, 2001, 24: 565-566.
- [3] 任丽平,倪西源,黄吉祥,等.甘蓝型油菜一个代表性核心种质的遴选[J].*中国农业科学*, 2008, 41(11): 3521-3531.
- [4] 董玉琛,曹永生,张学勇,等.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.
- [5] 郝晨阳,董玉琛,王兰芬,等.我国普通小麦核心种质的构建及遗传多样性分析[J].*科学通报*, 2005, 50(10): 908-915.
- [6] van Hintum T J L. Comparison of market systems and construction of a core collection in a pedigree of European spring barley[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1994, 89: 991-997.
- [7] 张秀荣,郭庆元,赵应忠,等.中国芝麻资源核心收集品研究[J].*中国农业科学*, 1998, 31(3): 1-4.
- [8] Upadhyaya H D, Ortiz R. A mini core subset for capturing and promoting utilization of chickpea genetic resource in crop improvement[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2001, 102: 1292-1298.
- [9] 王述民,曹永生,胡家蓬.中国小豆种质资源核心样品的初步建立[J].*华北农学报*, 2002, 17(1): 35-40.
- [10] Rodino A P, Santalla M, Ron A M D, et al. A core collection of common bean from the Iberian peninsula [J]. *Euphytica*, 2003, 131: 165-175.
- [11] Erskine W, Muehlbauer F J. Allozyme and morphological variability, outcrossing rate and core collection formation in lentil germplasm[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1991, 83: 119-125.
- [12] 邱丽娟,曹永生,常汝镇,等.中国大豆(*Glycine max*)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.
- [13] 赵丽梅,董英山,刘宝,等.中国一年生野生大豆(*Glycine soja*)核心资源构建[J].*科学通报*, 2005, 50(10): 989-996.
- [14] Wang L X, Guan Y, Guan R X, et al. Establishment of Chinese soybean (*Glycine max*) core collections with agronomic traits and SSR markers[J]. *Euphytica*, 2006, 151: 215-223.
- [15] 姜慧芳,任小平,廖伯寿,等.中国花生核心种质的建立[J].*武汉植物学研究*, 2007, 25(3): 289-293.
- [16] 姜慧芳,任小平,廖伯寿,等.中国花生核心种质的建立及与 ICRISAT 花生微核心种质的比较[J].*作物学报*, 2008, 34(1): 25-30.
- [17] Holbrook C C, William F A. Evaluation of a core collection to identify resistance to late leafspot in peanut [J]. *Crop Science*, 1995, 35: 1700-1702.

- [18] 胡兴雨, 王纶, 张宗文, 等. 中国黍稷核心种质的构建[J]. 中国农业科学, 2008, 41(11): 3489-3502.
- [19] Li Y, Shi Y S, Cao Y S, et al. Establishment of a core collection for maize germplasm preserved in Chinese national gene bank using geographic distribution and characterization data[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2004, 51: 845-852.
- [20] Zewdie Y, Tong N K, Bosl P. Establishing a core collection of *Capsicum* using a cluster analysis with enlightened selection of accessions[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2004, 51: 147-151.
- [21] Reddy L J, Upadhyaya H D, Gowda C L L, et al. Development of core collection in pigeonpea (*Cajanus-cajan* (L.) Millspaugh) using geographic and qualitative descriptors[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2005, 52: 1049-1056.
- [22] Xu H M, Mei Y J, Hu J, et al. Sampling a core collection of Island cotton (*Gossypium barbadense* L.) based on the genotypic values of fiber traits[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2006, 53: 515-521.
- [23] Jansen J, Hintum T V. Genetic distance sampling: A novel sampling method for braining core collections using genetic distances with an application to cultivated lettuce [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2007, 114: 421-428.
- [24] 刘长友, 王素华, 王丽侠, 等. 中国绿豆种质资源初选核心种质构建[J]. 作物学报, 2008, 34(4): 700-705.
- [25] 李自超, 张洪亮, 曾亚文, 等. 云南地方稻种资源核心种质取样方案研究[J]. 中国农业科学, 2000, 33(5): 1-7.
- [26] 魏兴华, 汤圣祥, 余汉勇, 等. 中国粳稻地方种资源核心样品的构建方法研究[J]. 中国水稻科学, 2000, 14(4): 237-240.
- [27] 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.
- [28] 李保印, 周秀梅, 张启翔. 中原牡丹品种核心种质取样策略研究[J]. 河北农业大学学报, 2009, 32(4): 20-25.
- [29] Tai P Y P, Miller J D. A core collection for *Saccharum spontaneum* L. from the world collection of sugarcane [J]. Crop Science, 2001, 41: 879-885.
- [30] Balakrishnan R, Nair N V, Sreenivasan T V. A method for establishing a core collection of *Saccharum officinarum* germplasm based on quantitative morphological data[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2000, 47: 1-9.
- [31] 刘新龙, 蔡青, 马丽, 等. 甘蔗杂交品种初级核心种质取样策略[J]. 作物学报, 2009, 35(7): 1209-1216.
- [32] 蔡青, 范源洪. 甘蔗种质资源描述规范和数据标准 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2006: 7-13.
- [33] 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.
- [34] 张军科, 桑春果, 李嘉瑞, 等. 杏品种资源抗寒性主成分分析 [J]. 西北农业大学学报, 1999, 27(6): 79-84.
- [35] 董攀, 李伟, 郑有良. 波兰小麦主要农艺性状分析[J]. 麦类作物学报, 2007, 27(2): 216-222.
- [36] 李自超, 张洪亮, 孙传清, 等. 植物遗传资源核心种质研究现状与展望[J]. 中国农业大学学报, 1999, 4(5): 51-62.
- [37] Igartua E, Gracia M P, Lasa J M, et al. The Spanish barley core collection[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 1998, 45(5): 475-481.
- [38] Zhang X R, Zhao Y Z. Establishment of sesame germplasm core collection in China[J]. Genetic Resource and Crop Evolution, 2000, 47: 273-279.
- [39] Diwan N, Mcintosh M S, Baughan G R. Methods of developing a core collection of annual *Medicago* species [J]. Theoretical and Applied Genetics, 1995, 90: 755-761.
- [40] 高志红, 章镇, 韩振海, 等. 中国果梅核心种质的构建与检测[J]. 中国农业科学, 2005, 38(2): 363-368.
- [41] Genetic Z. Genetic base for North American public soybean cultivars released between 1947-1988[J]. Crop Science, 1994, 34: 1143-1147.
- [42] 盖钧镒, 赵团结. 中国大豆育种的核心祖先亲本分析 [J]. 南京农业大学学报, 2001, 24(2): 20-23.
- [43] 余萍, 李自超, 张洪亮, 等. 中国普通野生稻初级核心种质取样策略[J]. 中国农业大学学报, 2003, 8(5): 37-41.
- [44] 范源洪, 陈辉, 史宪伟, 等. 甘蔗细茎野生种云南不同生态类型的 RAPD 分析[J]. 云南植物研究, 2001, 23(3): 298-308.
- [45] 张革民, 廖江雄, 黄宏套, 等. 广西高糖割手密遗传多样性的表型分析和 RAPD 分析 [J]. 西南大学学报, 2007, 29(8): 83-88.
- [46] 齐永文, 樊丽娜, 何慧怡, 等. 广东割手密资源农艺性状遗传多样性评价 [J]. 甘蔗糖业, 2009(3): 7-10.

责任编辑: 罗慧敏