

文章编号:1003-8701(2006)01-0021-04

吉林省稻种资源核心种质构建的研究

孙 强,林秀云,李明生,王贵才

(吉林省农业科学院水稻研究所, 吉林 公主岭 136100)

摘 要:本研究在借鉴国内外有关同类研究的基础上,以我所自建国以来历年收集、观察、鉴定和筛选出性状稳定一致的3170份稻种资源为研究对象,在吉林省农业科学院水稻所试验地同一试验条件下,自1997~2000年进行了连续4年的系统观察、鉴定,确定了以总体取样量15%、按代码分组、组内简单比例取样及组内聚类取样的取样方案作为构建吉林省稻种资源核心种质的最佳方案。按照最佳建库方案构建起了一个以资源总数3170份的15%,即477份核心样品资源可代表总体资源98%以上的遗传多样性的核心种质库。

关键词:水稻;核心种质;资源;构建

中图分类号:S511.024

文献标识码:A

1 材料与方法

1.1 试验材料

共计3170份,其中国内2031份,国外1139份。

1.2 研究方法

1.2.1 资源分组、质量性状赋值和数量性状分级

①将3170份材料按丁颖分类体系(简写FL,共6组)、省份来源(简写LY,共45组)、代码(简写DM,省内、省外及国外共3组)及地区(简写DQ,共8组)4种分组原则进行分组;②对质量性状按0和1代码标记,性状出现标记为1,不出现标记为0;③对数量性状分成10个级别。

1.2.2 取样策略

在分组后确定组内取样比例时,采用国际通用的4种取样策略。

P策略(proportional strategy)指每个分组的取样量在核心种质中的比例与其组内材料总数占整个资源总数比例一致。

S策略(square root strategy)指分组的取样比例由组内材料份数的平方根占整个资源材料份数平方根的比例来确定。

L策略(Logarithmic strategy)指组内取样比例为整个组内材料数量的对数值占整个资源总量的对数值之比。

D策略(Genetic Diversity-dependent strategy)指分组的取样比例由组内遗传多样性占整个资源遗传多样性的比例来确定。

1.2.3 取样方法

组内取样采用随机选取和聚类选取两种方法。

1.2.4 总体取样量

在研究总体取样量时,选择了5%、10%、15%、20%和25%5个总体取样量,同时将其分为5%、

收稿日期:2005-08-19

作者简介:孙 强(1967-),男,吉林省公主岭人,副研究员,硕士,主要从事稻米产业研发、品种资源及新品种选育研究。

10%、15%、20%、25%与 10%、15%、20%两组。

1.2.5 取样方案

共有 128 种取样方案(4 种分组、4 种取样策略、2 种组内取样方法、2 组取样量)。

1.2.6 核心种质的构建

基础群体的资源材料经过分组后,同一组内材料数量少于 10 份者,对其聚类,选出 1 份;同一组内材料数量多于 10 份的,对其聚类,根据组内应选材料份数而聚成相应的亚组数,在每个亚组内任选 1 份材料组成核心种质,材料筛选由专用程序自动完成。

1.2.7 核心种质的检验指标

为检验核心种质的优劣选择了多样性指数(I)、表型方差(Var)、变异系数(CV)、保留比例(RPR)和变幅比(CRR)5 个参数作为检验 128 种取样方案的指标。

2 结果与分析

2.1 核心种质的检验指标

表型保留比例(RPR):RPR 表示核心种质库中所保留的表型数量占原始库中表型总量的比例。其在一定程度上表现了变异的丰度。核心种质的 RPR 越大,表明核心种质中包含的变异越丰富,对育种者越有利。

变异系数(CV)和表型方差(Var):CV 和 Var 在一定程度上表现了各种表现型的分布情况,显示了材料的异质性,因此可以估计群体的均度。CV 和 Var 越大,表明核心种质库中各性状的分布越均匀。

遗传多样性指数(I):I 为多样性估计的综合性参数,不仅反映了群体中变异的丰度,同时也反映了群体中变异的均度,所得核心种质库中变异类型越丰富,变异的均度越高,I 值越大。因此,它不仅估计了遗传多样性的大小,而且还能够估计核心种质的实用性。

变幅比(CRR):CRR 指核心库中某称量性状的极差值与原始库中该称量性状极值差之比,在一定程度上反映了变异的均度。

2.2 分组原则比较

表 1 不同总体取样量、不同分组原则下 5 种检验指标秩数排序

总体取样量 (%)	分组原则	检 验 指 标 秩 数					平均	秩数排序
		I	Var	CV	RPR	CRR		
5	CDM	29	28	27	11	18	22.6	1
	CDQ	35	19	20	31	30	27.0	2
	CFL	38	50	51	42	46	45.4	4
	CLY	34	39	48	42	42	41.0	3
10	CDM	40	16	25	12	14	21.4	1
	CDQ	37	45	42	41	48	42.6	4
	CFL	10	37	44	19	52	32.4	2
	CLY	49	35	25	53	22	36.8	3
15	CDM	19	24	29	33	14	23.8	1
	CDQ	47	30	27	38	48	38.0	4
	CFL	26	43	46	7	36	31.6	2
	CLY	44	39	34	53	10	36.0	3
20	CDM	11	30	29	4	40	22.8	1
	CDQ	39	24	27	29	36	31.0	3
	CFL	30	24	46	4	24	25.6	2
	CLY	56	58	34	30	36	42.8	4
25	CDM	10	21	29	8	25	18.6	1
	CDQ	36	30	27	8	48	29.8	3
	CFL	34	27	46	6	33	29.2	2
	CLY	46	58	34	35	30	40.6	4

由表 1 可知,在各分组原则中,以代码(DM)分组效果最好,其次为分类体系(FL)分组,省份来源(LY)效果最差。

2.3 组内取样比例的确定

表 2 聚类取样下不同取样方式及不同分组原则检验秩数比较

总体取样量 (%)	取样方式	分组原则				
		CDM	CDQ	CFL	CLY	平均
5	D	4.20	5.40	11.80	15.00	9.10
	L	6.40	7.80	11.00	9.20	8.60
	P	5.00	6.40	9.80	14.60	8.95
	S	7.00	7.20	12.60	2.20	7.25
	平均	5.65	6.70	11.30	10.25	8.48
10	D	4.00	10.00	6.00	8.00	7.10
	L	9.20	11.20	11.00	12.60	11.00
	P	3.80	11.00	6.20	7.20	7.05
	S	3.80	10.40	9.00	9.40	8.15
	平均	5.30	10.65	8.05	9.30	8.31
15	D	10.00	7.60	8.40	9.20	8.80
	L	7.20	6.20	6.80	14.60	8.70
	P	5.60	7.40	8.20	8.40	7.40
	S	4.40	5.40	8.20	14.00	8.00
	平均	6.80	6.65	7.90	11.55	8.22
20	D	6.20	9.40	4.40	10.60	7.65
	L	6.60	6.60	8.20	12.80	8.55
	P	5.80	9.80	5.60	9.00	7.40
	S	4.40	6.40	3.00	12.80	6.65
	平均	5.75	7.90	5.30	11.30	7.56
25	D	3.60	10.80	5.20	9.80	7.35
	L	3.40	5.00	6.40	13.20	7.00
	P	3.60	9.20	6.80	11.00	7.65
	S	7.60	6.20	5.80	11.80	7.85
	平均	4.55	7.80	6.05	11.45	7.46

80 种聚类取样方案一起比较的结果表明(表 2),不同总体取样量下 D、L、P 和 S 4 种组内取样方式有一定的差异。

5%总体取样量时,S方法稍好,其它3种方法差异不大;10%总体取样量时,L方法较差,其它3种方法差异不明显。15%取样量时,4种方法差异均不明显,P法稍好。

2.4 组内取样方法

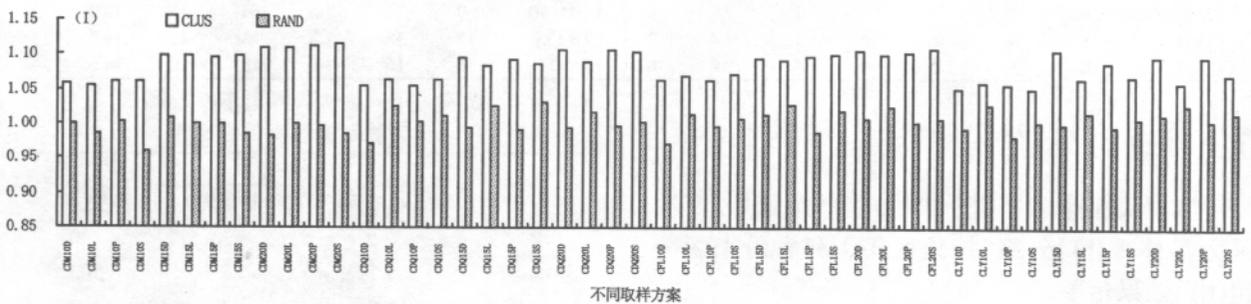
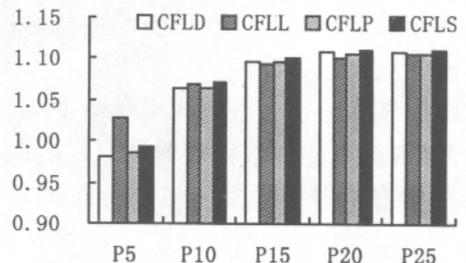
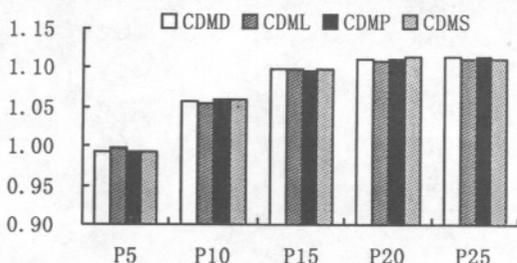


图 1 组内聚类取样与随机取样多样性指数比较

本研究中组内取样方法包括随机和聚类两种。由图 1 可以看出,无论哪种分组原则和哪种组内取样方式,也不论总体取样量大小,组内聚类取样方法的多样性指数均显著大于组内随机取样方法的多样性指数。



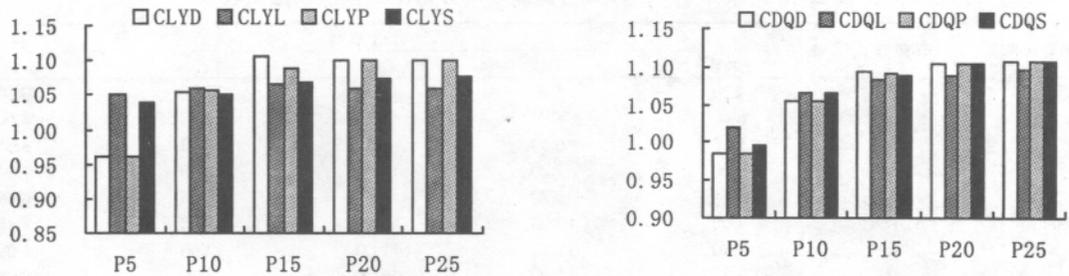


图 2 不同分组方式下不同总体取样量的多样性指数

2.5 总体取样量的确定

本研究中设立 5%、10%、15%、20%和 25% 5 个总体取样量,由图 2 可以看出,4 种分组方式的遗传多样性指数随着总体取样量由 5%到 15%有一个明显的增加,而 15%到 25%则几乎不再增加。所以我们选定了 15%作为吉林省稻种资源核心种质构建的总体取样量。

2.6 核心种质的构建

研究结果表明,由分组原则、组内取样策略、组内取样方法及总体取样量 4 个层次所组成的共 128 种取样方案中,以总体取样量 15%、按代码分组原则分组、选择组内简单比例取样方式和组内聚类取样的取样方案为构建吉林省稻种资源核心种质的最佳方案(表 3)。选取了 477 份核心样品资源构建成了吉林省稻种资源核心种质库。经检验 477 份核心样品在形态上代表了整个原始库资源 98.9%的多样性(表 4)。

表 3 15%总体取样量下各取样方案 5 种检验指标的秩数排序(聚类取样)

取样方案	检 验 指 标					平均	排序	取样方案	检 验 指 标					平均	排序
	I	CV	Var	RPR	CRR				I	CV	Var	RPR	CRR		
CDM15P	6	2	2	4	7	4.4	1	CFL15P	4	11	10	1	15	8.2	9
CDQ15S	2	5	4	12	4	5.4	2	CFL15S	5	14	14	1	7	8.2	9
CDM15S	8	7	6	4	3	5.6	3	CFL15D	3	12	11	1	15	8.4	10
CDQ15L	1	10	5	13	2	6.2	4	CLY15P	13	2	7	9	11	8.4	10
CFL15L	12	9	8	4	1	6.8	5	CLY15D	14	1	1	16	14	9.2	11
CDM15L	9	6	3	11	7	7.2	6	CDM15D	7	13	13	4	13	10.0	12
CDQ15P	11	4	9	9	4	7.4	7	CLY15S	15	15	15	13	12	14.0	13
CDQ15D	10	8	12	4	4	7.6	8	CLY15L	16	16	16	15	10	14.6	14

表 4 15%总体取样量下核心种质与基础资源库的符合度

性 状	性状个数		符合度(%)
	核心库	基础库	
分类	2	2	100
粘糯	2	2	100
叶片色	2	2	100
叶鞘色	2	2	100
叶片茸毛	3	3	100
剑叶长度	3	3	100
茎集散	3	3	100
茎间色	2	2	100
倒伏性	4	4	100
穗颈长短	4	4	100
芒	5	5	100
谷粒形状	3	3	100
护颖色	5	6	83.3
颖尖色	4	4	100
颖色	14	14	100
平均			98.9

3 讨论与结论

本研究结果表明,按 DM 分组效果最好,其次是分类体系(FL)分组,按地区(DQ)和省份来源分组(LY)效果最差。

本研究 4 种组内取样方式中,由于总体取样量的不同,4 种方式表现有所不同。5%取样量时,S 方法表现最好,10%和 15%总体取样量时,P 方法较好。

本研究确定的最终取样方案所构建的核心种质代表了总体资源 98.9%以上的遗传多样性,取得了比较满意的效果。

本研究最终确定了以总体取样量 15%、按代码分组、组内简单比例取样及聚类取样的取样方案作为构建吉林省稻种资源核心种质的最佳方案。

(下转第 58 页)

液喷雾。发现小地老虎和蛴螬等地下害虫,可用毒饵诱杀,毒饵配方即炒麸皮 5 kg、50%辛硫磷 100 g,对水 2.5 kg 拌均,沟施或穴施;或用 50%敌敌畏乳油 800~1 000 倍液,灌到苗眼中。防治甜菜夜蛾可用 20%除虫菊酯 2 000~3 000 倍液、50%辛硫磷乳油 800~1 000 倍液、40%甲胺磷 600~800 倍液,于 2~3 龄时喷药,防治效果极佳。防治甜菜褐斑病可用 50%多菌灵、70%甲基托布津于褐斑病发病初期进行喷雾防治,每 10~15 d 喷 1 次。防治甜菜白粉病可用 25%粉锈宁、80%福镁硫磺 500~600 倍液、25%多菌灵 250~500 倍液于发病时喷施。在防治甜菜病虫害时,可将杀菌剂和杀虫剂混合喷施,既可以防治病害又防治了虫害,可降低作业成本。

参考文献:

- [1] 曲文章,等. 中国甜菜学[M]. 哈尔滨:黑龙江人民出版社,2003,327-388.
- [2] 张建东,等. 药剂防治甜菜苗期病虫害试验[J]. 中国甜菜糖业,2002,(2):37-39.
- [3] 刘效明,等. 甜菜夜蛾的生物学特性及防治技术[J]. 植物保护,1995,21(6):29-30.

(上接第 24 页)

按最佳方案构建起了一个以资源总数 3 170 份的 15%,即 477 份核心样品资源可代表总体资源 98%以上的遗传多样性的核心种质库。

参考文献;

- [1] 丁颖. 中国栽培稻种的起源及其演变[A]. 丁颖稻作论文集[C]. 农业出版社,1983,25-39.
- [2] 佟大香. 核心种质国际研讨会及其意向[J]. 作物品种资源,1994,(增刊):11-14.
- [3] 周明德. 核心收集品的研究及其发展[J]. 作物品种资源,1994,(增刊):3-6.
- [4] 李自超,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.
- [5] Brown AHD. The case for core collections In AHD Brown et al. (ed) The use of plant genetic resources P. Cambridge Univ. Press, Cambridge, England. 1989,136-156.
- [6] Brown AHD. Core collection: a practical approach to genetic resources management. Genome 1989,31: 818-824.
- [7] Corley Holbrook C, et al. Evaluation of a core collection to identify resistance to late leaf spot in peanut. Crop Sci 1995,35: 1700-1702.
- [8] Diwan N, et al. Methods of developing a core collection of annual Medicago species. Theor Appl Genet 1995,30: 755-761.
- [9] Erskine W, et al. Allozyme and morphological variability, outcrossing rate and core collection formation in lentil germplasm Theor Appl Genet 1991,83: 119-125.

Studies on Constructing Core Collection of Rice Germplasm Resources in Jilin Province

SUN Qiang, LIN Xiu-yun, LI Ming-sheng, et al.

(Rice Research Institute, Academy of Agricultural Sciences of Jilin Province, Gongzhuling 136100, China)

Abstract: A total of 3 170 strains of rice germplasm from 20 countries were studied by refer to similar studies native and abroad. A core collection of these germplasm was constructed. The results were as follows One billion basal data of 25 classifying trains of 3 170 varieties were obtained. The optimum method was determined after 4 years' experiment. That is sampling 15 percent of total amount, grouping according the code, simple proportional sampling and clustering sampling with group. A core collection bank of 447 varieties out of 3 170 varieties was constructed. These varieties accounted for 15% of total germplasm could represent the total germplasm bank. All data could be treated with computer automatically.

Key words: Rice; Core collection; Germplasm; Construction